



DEMANDE INTERNATIONALE PUBLIÉE EN VERTU DU TRAITE DE COOPERATION EN MATIERE DE BREVETS (PCT)

(51) Classification internationale des brevets ⁶ : C12N 15/49, 7/00, C12Q 1/68, A61K 39/21, C07K 16/10, 14/16, G01N 33/50	A1	(11) Numéro de publication internationale: WO 98/26075 (43) Date de publication internationale: 18 juin 1998 (18.06.98)
--	-----------	---

(21) Numéro de la demande internationale: PCT/FR97/02227

(22) Date de dépôt international: 8 décembre 1997 (08.12.97)

(30) Données relatives à la priorité:
96/15087 9 décembre 1996 (09.12.96) FR

(71) Déposants (pour tous les Etats désignés sauf US): INSTITUT NATIONAL DE LA SANTE ET DE LA RECHERCHE MEDICALE - INSERM [FR/FR]; 101, rue de Tolbiac, F-75654 Paris Cedex 13 (FR). ASSISTANCE PUBLIQUE-HOPITAUX DE PARIS [FR/FR]; 3, avenue Victoria, F-75100 Paris RP (FR). INSTITUT PASTEUR [FR/FR]; 28, rue du Docteur Roux, F-75724 Paris Cedex 15 (FR).

(72) Inventeurs; et

(75) Inventeurs/Déposants (US seulement): MAUCLERE, Philippe [FR/FR]; 2, rue Buhan, F-33000 Bordeaux (FR). LOUSSERT-AJAKA, Ibtissam [FR/FR]; 26, avenue de la République, F-78500 Sartrouville (FR). SIMON, François [FR/FR]; 8, rue Germain Pilon, F-75018 Paris (FR). SARAGOSTI, Sentob [FR/FR]; 69 bis, rue de Billancourt, F-92100 Boulogne Billancourt (FR). BARRE-SINOUSSE, Françoise [FR/FR]; 104 Le Capricorne, 50, rue d'Erevan, F-92130 Issy-les-Moulineaux (FR).

(74) Mandataire: CABINET ORES; 6, avenue de Messine, F-75008 Paris (FR).

(81) Etats désignés: AL, AU, BB, BG, BR, CA, CN, CU, CZ, EE, GE, HU, ID, IL, IS, JP, KP, KR, LK, LR, LT, LV, MG, MK, MN, MX, NO, NZ, PL, RO, SG, SI, SK, TR, TT, UA, US, UZ, VN, brevet ARIPO (GH, KE, LS, MW, SD, SZ, UG, ZW), brevet eurasién (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), brevet européen (AT, BE, CH, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE), brevet OAPI (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

Publiée

Avec rapport de recherche internationale.
Avant l'expiration du délai prévu pour la modification des revendications, sera republiée si de telles modifications sont reçues.

(54) Title: NON-M NON-O HIV STRAINS, FRAGMENTS AND APPLICATIONS

(54) Titre: SOUCHES DE VIH-1 NON-M NON-O, FRAGMENTS ET APPLICATIONS

(57) Abstract

The invention concerns retroviral strains of the group HIV-1, non-M non-O, particularly a strain called YBF30, its fragments and its applications as diagnosis reagent and as immunogenic agent. The HIV-2 different both from the group M and from the group O have the following characteristics: little or no serological response with respect to proteins of groups M and O and strong serological response with respect to proteins derived from the YBF30 strain or the SIV CPZGAB strain; absence of genomic amplification by the primers of regions *env* and *gag* of the HIV-1 of groups M and O; genomic amplification in the presence of the primers derived from the YBF30 strain; and homology of the envelope gene products higher than 70 % with respect to the YBF30 strain.

(57) Abrégé

Souches de rétrovirus du groupe VIH-1, non-M non-O, notamment une souche dénommée YBF30, ses fragments ainsi que ses applications, en tant que réactif de diagnostic et en tant qu'agent immunogène. Les VIH-1 distincts à la fois du groupe M et du groupe O présentent les caractéristiques suivantes: peu ou pas de réactivité sérologique vis-à-vis des protéines des groupes M et O et forte réactivité sérologique vis-à-vis des protéines issues de la souche YBF30 selon l'invention ou de la souche SIV CPZGAB; absence d'amplification génomique à l'aide des amorces des régions *env* et *gag* des VIH-1 des groupes M et O; amplification génomique en présence des amorces issues de la souche YBF30, selon l'invention; et homologie des produits du gène d'enveloppe supérieure à 70 % vis-à-vis de la souche YBF30.

```

Y10  br  AT T G C G G T A O T G A C A C T T G C G
LPB01 br  G G C A A G C A G G G A G C T G G G
GAG Y br  T C C T T G A G C A G T O T G G A C
AB1.1 gag  G A A G A G G A G G A T T A G G A G
AB1 gag  A G C A G A G G G T A T G T C A C A
GAG Y B1 gag  T O T A A G G G G C T A G A G A G
GAG Y gag  A C A G A G A C A C T O T G T A C
B1.1 gag  A A G A A A A G C A G T T G G T A C
GAG Y gag  A A G A A A A G C A G T T G G T A C
B1.2 gag  T T T G T T C C G T G T A T G T C
Y10.1 gag  G T T A T A T G G A T T O T C A G G
Y10.2 gag  T O G G A G G A G A T T A T A O T G G
Y10.3 gag  A T O A T T T A C G A G T A C A T G G A C G A
Y10.4 gag  T O T A G G G G T G G T A A A G G
Y10.5 gag  T O G T G T G G A T G G G A T A T G
Y10.6 gag  T O T A T C C A G G A A T O A G A G
Y10.7 gag  A A T G A G A T C T G C C C A T A G
Y10.8 gag  T G A G A G A T A G G G G A A G A G
4411-1 gag  A A G G G G C A A T T T G C A C T G C
4411-2 gag  A C A T G G A C C G G G A C A A G G
4201.1 gag  A G C A A G A G A C A T A C A G A G
4201.2 gag  A A A G T A G T G G G A G G T A G G
4201.3 gag  A T A T G C C A G T A G G T C A G G
4201.4 gag  T O T A G C A C T A A G A G G G T G
4201.5 gag  A O T C T A A T G C T O T G A G G
4201.6 gag  C O A T A G T A O A C T G T A C G
4201.7 gag  C A T A G G T A T G G T T A C A A G G
4201.8 gag  T O A T A A T G G G A A A G G G T G
4201.9 gag  G T A T T C A G A A T G G T T C C
4201.10 gag  A T T C T A G A A G G A T T C C A G
4201.11 gag  O O T T A G G A T O A C C A A T C G
4201.12 gag  T G G G A G A G T G T G T G G A G C
4201.13 gag  T T O T G A G G G T G T G T G T G
4201.14 gag  A T T A G G A G G G T G A T A G C
4201.15 gag  T G G G T T G A G G A G G A G
4201.16 gag  G O T G C A T G T T G A C A T A G
4201.17 gag  A G A G A G A G G G A G T A C A G
4201.18 gag  A T A A A A G G A G G G G T T G T G

```

UNIQUEMENT A TITRE D'INFORMATION

Codes utilisés pour identifier les Etats parties au PCT, sur les pages de couverture des brochures publiant des demandes internationales en vertu du PCT.

AL	Albanie	ES	Espagne	LS	Lesotho	SI	Slovénie
AM	Arménie	FI	Finlande	LT	Lituanie	SK	Slovaquie
AT	Autriche	FR	France	LU	Luxembourg	SN	Sénégal
AU	Australie	GA	Gabon	LV	Lettonie	SZ	Swaziland
AZ	Azerbaïdjan	GB	Royaume-Uni	MC	Monaco	TD	Tchad
BA	Bosnie-Herzégovine	GE	Géorgie	MD	République de Moldova	TG	Togo
BB	Barbade	GH	Ghana	MG	Madagascar	TJ	Tadjikistan
BE	Belgique	GN	Guinée	MK	Ex-République yougoslave de Macédoine	TM	Turkménistan
BF	Burkina Faso	GR	Grèce	ML	Mali	TR	Turquie
BG	Bulgarie	HU	Hongrie	MN	Mongolie	TT	Trinité-et-Tobago
BJ	Bénin	IE	Irlande	MR	Mauritanie	UA	Ukraine
BR	Brésil	IL	Israël	MW	Malawi	UG	Ouganda
BY	Bélarus	IS	Islande	MX	Mexique	US	Etats-Unis d'Amérique
CA	Canada	IT	Italie	NE	Niger	UZ	Ouzbékistan
CF	République centrafricaine	JP	Japon	NL	Pays-Bas	VN	Viet Nam
CG	Congo	KE	Kenya	NO	Norvège	YU	Yougoslavie
CH	Suisse	KG	Kirghizistan	NZ	Nouvelle-Zélande	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	République populaire démocratique de Corée	PL	Pologne		
CM	Cameroun	KR	République de Corée	PT	Portugal		
CN	Chine	KZ	Kazakhstan	RO	Roumanie		
CU	Cuba	LC	Sainte-Lucie	RU	Fédération de Russie		
CZ	République tchèque	LI	Liechtenstein	SD	Soudan		
DE	Allemagne	LK	Sri Lanka	SE	Suède		
DK	Danemark	LR	Libéria	SG	Singapour		
EE	Estonie						

SOUCHES DE VIH-1 NON-M NON-O, FRAGMENTS ET APPLICATIONS.

La présente invention est relative à des souches de rétrovirus du groupe VIH-1, non-M non-O, notamment une souche dénommée YBF30, à ses fragments ainsi qu'à ses applications, en tant que réactif de diagnostic et en tant qu'agent immunogène.

Les virus humains de l'immunodéficience acquise, VIH-1 et VIH-2 sont des rétrovirus, virus retrouvés chez de nombreux primates africains. Tous ces virus semblent avoir un ancêtre commun ; il est toutefois très difficile de préjuger de la période à laquelle ces différents virus se sont séparés de ce précurseur. D'autres virus plus distants bien que faisant partie du même groupe sont retrouvés chez d'autres mammifères (ongulés et félins).

Tous ces virus sont associés à des infections longues ; l'absence de symptômes est la règle chez les singes infectés naturellement.

Du fait de sa forte homologie avec le virus du Sooty Mangabey (Afrique de l'Ouest), l'origine du VIH-2 semble claire, mais aucun virus proche du VIH-1 n'a été retrouvé chez les singes. Les virus les plus proches sont des virus retrouvés chez deux chimpanzés (SIV CPZGAB, SIV ANT).

Une importante variabilité génétique est retrouvée chez tous les lentivirus, et l'étude phylogénétique de ces variants obtenus à partir de nombreux points géographiques différents a permis de distinguer pour VIH-1, 8 sous-types (clades), tous également équidistants entre eux. Les clades ne sont qu'une représentation mathématique de l'expression de la variabilité : l'analyse phénétique, basée non sur les acides nucléiques mais sur les acides aminés donne des résultats différents (Korber et al, 1994).

La mise en évidence de sous-types correspond à une analyse phylogénétique qui n'a pas, à ce jour de corrélation physiopathologique, mais une correspondance géographique. En effet, chaque sous-type est retrouvé principalement dans un certain espace géographique. En Europe et aux États-Unis, le sous-type B est majoritaire, alors qu'en Thaïlande, deux sous-types E et B sont retrouvés, et qu'il existe une corrélation forte entre le mode de transmission qui, en fait, correspond à une certaine population et le sous-type retrouvé. Tous les clades ont été retrouvés en Afrique et leurs distributions à travers le reste du monde reflète une probabilité de rencontre entre

personnes à comportement à haut risque. Le clade majoritaire, car présent en proportion importante en Afrique est le clade A. Dans certains pays d'Afrique, une très grande variabilité a été retrouvée (G. Myers, 1994 ; P.M. Sharp et al., 1994). Plusieurs sous-types ont été caractérisés dans les pays d'Afrique centrale de l'ouest, comme la
5 République Centre Africaine (Murphy et al, 1993) et le Cameroun (Nkengasong et al, 1994).

Dernièrement, des patients porteurs de virus variants du VIH-1, dont les sérums posaient des problèmes de détection pour certains kits commercialisés sur le marché français et dont les western blots de confirmation étaient atypiques, ont été
10 caractérisés (Loussert-Ajaka et al ; 1994; Simon et al, 1994 ; Demande Internationale PCT WO 96/27013).

L'analyse de ces variants a permis de confirmer que les virus VIH de type 1, devaient être sous-divisés en deux groupes, le groupe M (majeur) et un groupe O (Outlier) incluant ces isolats, comme l'avaient proposé Charneau et al, 1994. L'ana-
15 lyse du rapport des mutations synonymes/mutations non synonymes sur les séquences des virus du groupe O connus, indique que ce nouveau groupe est aussi ancien, si ce n'est plus, que le groupe M (Loussert-Ajaka et al, 1995). Sa faible prévalence à ce jour, 8% des patients infectés par VIH-1 au Cameroun (Zekeng et al, 1994), et 18 cas caractérisés en France, serait due à des facteurs purement épidémiologiques.

Ces deux groupes de VIH-1 forment un arbre en forme de double
20 étoile (figures 9 à 19). Deux isolats, SIV CPZGAB, caractérisé à partir d'un chimpanzé du Gabon (Huet et al, 1990) et CPZANT, caractérisé à partir d'un chimpanzé du zoo d'Anvers ont des séquences et des organisations géniques très proche de VIH-1, mais ne s'inscrivent dans aucun de ces deux groupes et forment sur l'arbre phylogénétique
25 deux nouvelles branches.

La mise en évidence de nouveaux variants est importante pour mettre au point des réactifs de dépistage des infections par VIH, suffisamment sensibles et spécifiques, c'est-à-dire ne conduisant pas à des résultats faussement négatifs ou faussement positifs et des compositions protectrices vis-à-vis de sous-types n'appartenant
30 ni au groupe M, ni au groupe O.

En conséquence, la Demanderesse s'est donné pour but de pourvoir à une souche non-M, non-O, ainsi qu'à des séquences issues de cette souche, aptes à

permettre la détection de variants du VIH-1 non M et non-O, qui permettent d'éviter l'obtention de résultats faussement négatifs ou faussement positifs. Pour ce faire, les Inventeurs ont notamment établi un algorithme de différenciation et de confirmation entre les infections HIV-1 des groupes M et O, ce qui leur a permis de sélectionner des
5 variants non-M, non-O.

La présente invention a pour objet une souche de VIH-1 non-M non-O, présentant les caractéristiques morphologiques et immunologiques du rétrovirus déposé à la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes tenue par l'Institut Pasteur sous le numéro I-1753 (dénommé YBF30) le 2 juillet 1996.

10 On entend par variant non-M non-O, un VIH de type 1, qui sérologiquement et moléculairement ne peut être reconnu comme appartenant à l'un de ces groupes.

La présente invention a également pour objet la séquence nucléotidique complète de la souche telle que définie ci-dessus (SEQ ID N°1) ainsi que des
15 fragments d'acide nucléique d'au moins 10 nucléotides, issus de ladite souche.

Parmi ces fragments, on peut citer :

- LTR YBF 30 (SEQ ID N°2),
- GAG YBF 30 (SEQ ID N°3) (gène *gag*),
- POL YBF 30 (SEQ ID N°5) (gène *pol*),
- 20 - VIF YBF 30 (SEQ ID N°7) (gène *vif*),
- VPR YBF 30 (SEQ ID N°9) (gène *vpr*),
- VPU YBF 30 (SEQ ID N°11) (gène *vpu*),
- TAT YBF 30 (SEQ ID N°13) (gène *tat*),
- REV YBF 30 (SEQ ID N°15) (gène *rev*),
- 25 - ENV gp160 YBF 30 (SEQ ID N°17) (gène *env*),
- NEF YBF 30 (SEQ ID N°19) (gène *nef*),
- les SEQ ID N°21-57, également dénommées respectivement YLG, LPBS.1, GAG Y AS1.1, GAG Y AS1, GAG 6, GAG Y S1, GAG Y S1.1, GAG Y S1.2, YRT AS1.3, YRT AS1.2, YRT AS1.1, YRT 2, YRT AS1, YRT 2.1, YRT 2.2, YRT 2.3, YRT 2.4, 4481-1, 4481-2, 4235.1, 4235.2, 4235.3, 4235.4, SK69.6, SK69.5, SK69.4, SK69.3, SK69.2, SK69.1, SK68.1, SK68.2, SK68.3, LSI AS1.3, LSI AS1.2, LSI AS1.1, LSI A1, YLPA, ainsi que toute séquence, qui n'est pas identique à
30

l'une des séquences nucléotidiques ci-dessus ou n'est pas complémentaire de l'une de ces séquences, mais est néanmoins susceptible de s'hybrider, de manière spécifique, avec une séquence nucléique issue d'un virus VIH-1 non-M, non-O.

De telles séquences trouvent application dans l'identification spécifique d'un VIH-1 non-M non-O, comme réactif de diagnostic, seules ou en *pool* avec d'autres réactifs, pour l'identification différentielle de n'importe quel VIH-1.

Ces séquences peuvent notamment être mises en oeuvre dans des tests de diagnostic comprenant, soit une hybridation directe avec la séquence virale à détecter, soit une amplification de ladite séquence virale, en utilisant comme amorces ou comme sondes, un oligonucléotide comprenant au moins 10 nucléotides, inclus dans l'une quelconque des séquences ci-dessus et notamment l'une des séquences SEQ ID N°21-57 précitées.

La présente invention a également pour objet des VIH-1, caractérisés en ce qu'ils sont distincts à la fois du groupe M et du groupe O et présentent les caractéristiques suivantes :

* peu ou pas de réactivité sérologique vis-à-vis des protéines des groupes M et O et forte réactivité sérologique vis-à-vis des protéines issues de la souche YBF30 ou de la souche SIV CPZGAB ;

* absence d'amplification génomique à l'aide des amorces des régions *env* et *gag* des VIH-1 des groupes M et O ;

* amplification génomique en présence des amorces issues de la souche YBF30, telles que définies ci-dessus ; et

* homologie des produits du gène d'enveloppe > 70 % vis-à-vis de la souche YBF30.

L'invention a également pour objet l'utilisation des séquences décrites ci-dessus pour la mise en oeuvre d'un procédé d'hybridation et/ou d'amplification génique de séquences nucléiques de type VIH-1, ces procédés étant applicables au diagnostic *in vitro* de l'infection potentielle d'un individu par un virus du type VIH-1 non-M non-O.

Ce procédé de diagnostic *in vitro* est réalisé à partir d'un échantillon biologique (sérum ou lymphocyte circulant) et comprend :

. une étape d'extraction de l'acide nucléique à détecter, appartenant au génome du virus, éventuellement présent dans l'échantillon biologique et, le cas

échéant, une étape de traitement de l'acide nucléique, à l'aide d'une transcriptase inverse, si ce dernier est sous forme d'ARN,

. au moins un cycle comprenant les étapes de dénaturation de l'acide nucléique, d'hybridation avec au moins une séquence conforme à l'invention et éventuellement, si nécessaire, extension de l'hybride formé, en présence de réactifs convenables (agent de polymérisation, tel qu'ADN polymérase et dNTP) et

. une étape de détection de la présence éventuelle de l'acide nucléique appartenant au génome d'un virus de type VIH-1 de groupe non-M non-O.

Les conditions mises en oeuvre pour la PCR à l'aide des amorces
10 issues de la souche YBF30 sont les suivantes :

- Extraction de l'ADN lymphocytaire par la technique phénol-chloroforme et quantification par spectrophotométrie à une longueur d'onde de 260 nm. Toutes les amplifications sont réalisées sur Perkin Elmer thermocycler 2400.

- Les PCR longues (9 kb) sont réalisées avec le kit XL PCR (Perkin
15 Elmer) selon les conditions du fabricant et avec les dNTP, les tampons fournis et le « hot start » de Perkin Elmer ; les cycles d'amplification de cette PCR longue sont :

. 1 cycle de dénaturation pendant 2 minutes à 94°C,
. puis 16 cycles : 15 secondes à 94°C, 15 secondes à 55°C, 8 minutes
à 68°C,

20 . puis 24 cycles : 15 secondes à 94°C, 15 secondes à 55°C, 8 minutes
à 68°C, en ajoutant à chaque cycle 15 secondes de plus (incrémentations).

- Les PCR nichées sont réalisées sur les produits d'amplification des PCR longues. Les conditions de réalisation des PCR nichées sont :

. tampon et enzyme Taq polymérase « Expand High Fidelity PCR
25 System » de Boehringer Mannheim selon les instructions du fabricant, dNTP et « hot start » de Perkin Elmer,

. 200 µM de chaque dNTP, 20 pmol de chaque amorce selon l'invention, 5 µl d'ADN, 10 µl de tampon PCR 10X, 2,6 unités de Taq polymérase dans un volume de 100 µl,

30 . amplification : un cycle de 2 minutes à 94°C, suivie de 38 cycles :
15 secondes à 94°C, 15 secondes à 55°C, un temps d'élongation à 72°C variable selon

la taille du produit de PCR à amplifier (de 30 secondes à 2 minutes) et un dernier cycle d'élongation de 10 minutes à 72°C.

La détection du produit amplifié est réalisée de préférence par séquençage direct.

5 L'invention a également pour objet un peptide ou un fragment peptidique, caractérisé en ce qu'il est susceptible d'être exprimé par une souche de VIH-1 non-M non-O ou à l'aide d'une séquence nucléotidique telle que définie ci-dessus et en ce qu'il est apte : (1) à être reconnu par des anticorps induits par un VIH-1 non-M non-O, tel que défini ci-dessus et notamment la souche YBF30 ou un variant de celle-ci
10 et présents dans un échantillon biologique obtenu après une infection par une souche de VIH-1 non-M non-O et/ou (2) à induire la production d'anticorps anti-VIH-1 non-M non-O.

Parmi ces peptides, on peut citer, en particulier ceux issus de la souche YBF30 et notamment : celui exprimé par le gène *gag* (SEQ ID N° 4), celui
15 exprimé par le gène *pol* (SEQ ID N° 6), celui exprimé par le gène *vif* (SEQ ID N° 8), celui exprimé par le gène *vpr* (SEQ ID N° 10), celui exprimé par le gène *vpu* (SEQ ID N° 12), celui exprimé par le gène *tat* (SEQ ID N° 14), celui exprimé par le gène *rev* (SEQ ID N° 16), celui exprimé par le gène *env* (SEQ ID N° 18) ou l'un de ses fragments, tel qu'un fragment de la région de la boucle V3
20 CTRPGNNTGGQVQIGPAMTFYNIKIVGDIRQAYC (SEQ ID N° 58) et celui exprimé par le gène *nef* (SEQ ID N° 20) ou un fragment de ceux-ci aptes à reconnaître les anticorps produits lors d'une infection par un VIH-1 non-M non-O tel que défini ci-dessus.

L'invention a également pour objet des compositions immunogènes
25 comprenant un ou plusieurs produits de traduction des séquences nucléotidiques selon l'invention et/ou l'un des peptides tels que définis ci-dessus, obtenus notamment de manière synthétique.

L'invention a également pour objet les anticorps dirigés contre l'un ou plusieurs des peptides décrits ci-dessus et leur utilisation pour la mise en oeuvre de
30 méthodes de diagnostic *in vitro*, notamment différentielle, de l'infection d'un individu par un virus de type VIH-1, selon les procédés connus de l'homme du métier.

La présente invention englobe l'ensemble des peptides aptes à être reconnus par des anticorps isolés à partir d'un sérum infectieux obtenu après une infection par une souche VIH-1 non-M non-O et les peptides aptes à être reconnus par un anticorps selon l'invention.

5 L'invention a, en outre, pour objet une méthode de diagnostic *in vitro* d'un VIH-1 non-M non-O, caractérisée en ce qu'elle comprend la mise en contact d'un échantillon biologique prélevé chez un patient, avec des anticorps selon la revendication 10, éventuellement associés à des anticorps anti-SIV CPZGAB et la détection des complexes immunologiques formés entre les antigènes de VIH-1, éventuellement
10 présents dans l'échantillon biologique et lesdits anticorps.

L'invention a également pour objet une trousse de diagnostic de VIH-1, caractérisée en ce qu'elle inclut au moins un réactif selon l'invention.

Outre les dispositions qui précèdent, l'invention comprend encore d'autres dispositions, qui ressortiront de la description qui va suivre, qui se réfère à des
15 exemples de mise en oeuvre du procédé objet de la présente invention ainsi qu'aux dessins annexés, dans lesquels :

- les figures 1 à 7 illustrent l'emplacement des différentes amorces sur le génome de la souche YBF30 ;
- la figure 8 illustre l'organisation génomique de la souche YBF30 ;
- 20 - les figures 9 à 16 représentent l'analyse phylogénétique des différents gènes de la souche YBF30 par rapport au VIH-1 de groupe M et de groupe O (figure 9 : gène *ltr*, figure 10 : gène *gag*, figure 11 : gène *tat*, figure 12 : gène *rev*, figure 13 : gène *vif*, figure 14 : gène *env* gp120, figure 15 : gène *env* gp41, figure 16 : gène *nef*, figure 17 : gène *pol*, figure 18 : gène *vpr*, figure 19 : gène *vpu*) ;
- 25 - la figure 20 illustre le pourcentage de distance génétique entre YBF30 et VIH-1/SIV CPZGAB.

Il doit être bien entendu, toutefois, que ces exemples sont donnés uniquement à titre d'illustration de l'objet de l'invention, dont ils ne constituent en aucune manière une limitation.

EXEMPLE : Obtention d'un variant VIH-1 non-M non-O selon l'invention (YBF30) et ses applications.

Ceci a en particulier été possible en étudiant l'épidémiologie de l'infection par les virus de l'immunodéficience humaine acquise (VIH) au Cameroun, qui est particulièrement paradoxale. Dans ce pays, la diversité des souches est remarquable, puisque la plupart des sous-types connus à ce jour des virus VIH-1 du groupe M (Majeur) ont été rapportés. Des cas d'infections par des virus VIH-1 hautement divergeants du groupe O (O pour outlier) ont été rapportés, presque exclusivement chez des patients d'origine camerounaise. Des cas d'infections par VIH-2, HTLV-1 et HTLV-2 sous-type A et B ont été également rapportés.

Sur la base des résultats des évaluations sérologiques et génotypiques antérieures, les Inventeurs ont établi un algorithme de différenciation et de confirmation entre les infections VIH-1 des groupes M et O, afin de sélectionner des variants non-M, non-O.

Ces méthodes ont été appliquées sur des échantillons adressés au Laboratoire National de Référence des infections à VIH de Yaoundé et ont permis de caractériser un isolat VIH hautement divergeant et de définir les outils de caractérisation d'un nouveau groupe VIH-1, compte tenu des homologies observées entre cette souche humaine YBF30 et la souche simienne SIV CPZGAB.

I - Moyen de caractérisation sérologique du variant YBF30 lors de l'étude épidémiologique.

1) Recueil des échantillons :

Tous les sérums de patients adultes adressés au Laboratoire de référence de Yaoundé en 1994 et 1995 pour dépistage ou confirmation d'une infection HIV ont été étudiés (n=8831).

2) Différenciation sérologique entre VIH-1 groupe M et groupe O et sélection des variants :

En cas de positivité du dépistage anti-VIH (EIA indirect mixte HIV-1 et HIV-2 Génélavia Mixt, Sanofi-Pasteur, Paris, France), un test EIA basé sur le principe de la compétition vis à vis d'antigène spécifique du groupe M (Wellcozyme Rec HIV-1, Murex, Dartford, UK), a été associé.

En cas de positivité du test de type compétitif Wellcozyme Rec HIV-1, avec ratio de réactivité en densité optique (DO) par rapport à la valeur seuil ou *cut-off* (CO) supérieur à 5 ($CO/DO > 5$), le sérum est considéré comme VIH-1 positif, résultat qui doit être confirmé sur un nouveau prélèvement.

- 5 Le choix d'un ratio de réactivité supérieur à 5 pour considérer le test par compétition comme test de confirmation de l'infection à VIH-1 est basé sur l'expérience acquise par le laboratoire de virologie de l'hôpital Bichat : sur 7200 échantillons réactifs avec un ratio > 5 , tous présentaient un Western Blot VIH-1 (WB, New Lav Blot 1, SDP, Marnes la Coquette) fortement positif. En dehors des cas de séro-
- 10 conversions VIH-1, les échantillons confirmés VIH positifs et présentant un ratio Wellcozyme < 5 , correspondent soit à des infections par VIH-2, soit à des infections par VIH-1 du groupe O ou d'autres variants.

Pour éliminer les réactions faussement positives en dépistage EIA mixte, les échantillons présentant un ratio $CO/DO < 5$ sont systématiquement testés par

15 un EIA mixte HIV-1/HIV-2 de troisième génération (Enzygnost Plus, Marburg, Germany) incluant les antigènes des VIH-1 des groupes M et O (recombinant gp41 de la souche MVP5180). En cas de positivité de ce test, un test rapide discriminant HIV-1 et HIV-2 (Multispot, SDP, Marnes la Coquette) et un Western Blot (WB, New Lav Blot 1 ou 2, SDP) sont réalisés.

- 20 3) Confirmation sérologique des infections VIH-1 groupe O et variants.

Tous les échantillons présentant un ratio $CO/DO < 5$, différenciés positifs par WB (critères de positivité : 2 ENV +/- POL +/- GAG ou 1 ENV + POL +/- GAG) et HIV-1, sont testés par un test *Dot-blot* utilisant des antigènes peptidiques des

25 régions V3 et transmembranaires (InnoLiä, Innogenetics, Ghent, Belgium).

- 4) Isolement rétroviral des souches de groupe O et des variants.

Les cellules mononucléées sanguines périphériques (PBMC) des patients séropositifs ont été isolés par gradient de Ficoll-Hypaque au Cameroun, conservées et transportées à Paris en azote liquide.

- 30 Après décongélation, les PBMC des patients ont été cocultivés avec des lymphocytes de donneurs caucasiens séronégatifs. La réplication virale dans les surnageants de cultures a été mise en évidence par la détection de l'activité transcrip-

tase inverse et par la recherche de l'Antigène p24 (Elavia p24 polyclonal, SDP) sur une période d'un mois.

5) Séquences :

Les produits des PCR sont visualisés sur gels d'agarose de 1 à 1,4 %
 5 selon la taille des fragments, précipités en acétate de sodium 3M (1:10) et 3 volumes
 d'éthanol absolu, incubés 30 minutes à -80°C, centrifugés 20 minutes à 13 000 rpm. Le
 culot est séché puis repris avec 10 µl d'eau distillée (Sigma). La purification est réalisée
 sur « Qiaquick Gel Extraction kit » (Qiagen) selon les instructions du fabricant ; les
 produits sont séquencés avec le Kit Dye Terminator Applied Biosystem sur un auto-
 10 mate DNA Sequencer (Applied Biosystems, Inc., Foster Cit, CA), comme décrit
 précédemment (Loussert-Ajaka et al, 1995) ; les séquences nucléotidiques sont analy-
 sées sur logiciel Séquence Navigator (Applied Biosystems), alignés avec le logiciel
 GeneWorks (Intelligenetics Inc.).

6) Analyses phylogénétiques :

15 Les séquences ont été alignées avec le logiciel CLUSTAL pour les
 alignements multiples, en prenant comme matrice de référence, les alignements de la
 compilation des séquences VIH du laboratoire de Biologie et de Biophysique
 Théorique de Los Alamos, New Mexico, 87545 USA.

Les analyses phylogénétiques ont été faites avec le logiciel PHYLIP ;
 20 dans un premier temps, les distances ont été calculées avec DNADIST, puis l'analyse
 phylogénétique a ensuite été réalisée avec NEIGHBOR JOINING ou FITCH ; enfin,
 les arbres ont été dessinés avec DRAWTREE (figures 9 à 19). Les pourcentages de
 distance génétique sont également illustrés à la figure 20.

Pour les analyses de « *bootstrapping* », SEQBOOT a d'abord été uti-
 25 lisé, suivi de DNADIST et NEIGHBOR-JOINING ou FITCH. Enfin les valeurs de
bootstrap ont été obtenues avec CONSENS.

II - Résultats de l'enquête de mise en évidence des VIH groupe O et variant :

174 échantillons, parmi 3193 échantillons positifs au dépistage, ont
 été considérés soit groupe O, soit groupe M avec réactivité sérologique anormale, soit
 30 comme variants.

III - Mise en évidence d'un échantillon non groupe O et non groupe M présentant une réactivité sérologique anormale

Les 174 sérums HIV-1 positifs par WB (Western Blot), mais réactifs avec un ratio CO/DO < 5 en EIA de type compétitif ont été testés par dot blot LIA de
5 différenciation sur les peptides V3 du groupe M, groupe O et SIV CPZGAB :

- 7 ne réagissent sur aucun des peptides (M, O ou SIV CPZGAB) représentés. L'absence de collecte cellulaire ne permet aucune conclusion.

- 82 présentent une réactivité vis à vis d'au moins un des peptides correspondant à la boucle V3 des souches du groupe O. La fréquence des réactions
10 croisées est faible et limitée aux épitopes correspondant aux régions V3 consensus (11 %) et SIV-CPZ GAB (43 %) .

- 84 sérums sont non réactifs vis-à-vis des épitopes du groupe O. Ces prélèvements ont été réalisés majoritairement chez des patients présentant un SIDA (75/84).

15 - un sérum, prélevé chez une patiente camerounaise (NJ) est réactif exclusivement avec le peptide SIV CPZGAB. Cette réactivité isolée vis à vis d'un antigène du SIV CPZGAB n'a jamais été décrite auparavant. Des lymphocytes ayant été collectés chez la patiente, la caractérisation virologique de cette souche nommée YBF30 a pu être poursuivie.

20 IV - Résultats des examens sérologiques et virologiques sur les premiers prélèvements effectués sur cette patiente (mai 1995) (N° sérum : 95-6295) :

1) Tests ELISA commerciaux (Densité optique/valeur seuil)

Critère de positivité : DO/CO > 1

Génélabia = >15

25 Wellcozyme CO/DO = 1,55

Abbott Plus = >15

Behring Plus= 4,2

2) Western blot

WB New Lav 1 Pasteur :

30 160++, 120++, 68++, 55+, 41+, 40+/-, 34++, 24++, 18+

3) LIA dot-Blot Innogenetics

Négatif pour toutes les bandes groupe O et groupe M sauf V3 SIV

CPZGAB

4) Résultats des examens sérologiques de recherche sur peptides
 5 spécifiques des groupes M et O

* La technique du Pr. Francis Barin du Laboratoire de Virologie du CHU de Tours a été adaptée (Barin F. et al., 1996) ; des peptides des régions transmembranaires synthétisés (BioMérieux) ont été utilisés, pour mettre au point un test de différenciation entre les groupes M et O. Cette technique est basée sur la compétition
 10 de liaison des anticorps entre les peptides transmembranaires gp41 des groupes O et M déposés sur la phase solide et des peptides transmembranaires gp41 soit du groupe O, soit du groupe M en concentration supérieure en une phase liquide de réaction hyperosmolaire. Les résultats sont illustrés au Tableau I ci-après, dans lequel le puits CP correspond au témoin d'inhibition 100 % et le puits CSP correspond au contrôle 0
 15 % d'inhibition.

Tableau I

Résultats des différenciations inter groupe O - groupe M du sérum 6295

	gp41 M	gp41 O	CP	CSP
6295	0,25	0,36	0,12	1,98

Ces résultats montrent qu'il existe une forte liaison vis-à-vis des peptides de la phase solide (CSP), une nette inhibition par l'adjonction combinée des peptides M et O (CP) mais pas de nette différenciation, soit par le peptide M, soit par le peptide O. Il existe donc une évidence sérologique que la souche infectante n'appartient ni au groupe M, ni au groupe O.

* Compte tenu d'une réactivité isolée sur le dot blot InnoLia vis-à-vis
 25 des antigènes V3 SIV CPZGAB, sur les mêmes bases de compétition entre peptides, ce sérum a été étudié en mettant en compétition les peptides gp41 M, gp41 O et gp 41 SIV CPZGAB.

L'utilisation du sérum du chimpanzé dénommé 'Amandine' (donné par M. Peeters, qui a isolé la souche SIV CPZGAB, AIDS 1992) a permis, dans un pre-

mier temps, de valider cette technique. Sur le tableau II, les valeurs (DO) les plus basses indiquent le plus haut degré de liaison aux antigènes.

Tableau II

**Résultats des différenciations inter groupe O - groupe M - SIVcpzGab avec le
sérum du chimpanzé Amandine et le sérum 6295**

	gp41 M	gp41 O	gp41 CPZGAB	CP	CSP
Amandine	0,8	1,4	0,3	0,5	1,9
6295	0,7	1,1	0,7	0,4	2,1

La réactivité du sérum « Amandine » confirme et valide le test selon l'invention et indique que le sérum de la patiente réagit de manière identique vis-à-vis des peptides M et SIV CPZGAB, mais est sans réaction croisée avec le peptide O.

Ces résultats montrent qu'il existe une inhibition similaire avec le sérum de la patiente par les peptides gp41 du groupe M et gp41 SIV CPZGAB. Les antigènes de la souche infectante ont donc donné naissance à des anticorps reconnaissant, de façon similaire, les gp 41 du groupe M et du SIV CPZGAB.

4) Résultats obtenus à partir de l'isolement lymphocytaire
(prélèvement mai 1995)

Un rétrovirus a été isolé à partir des lymphocytes prélevés le 22 mai 1995, selon les techniques classiques. La culture avec la lignée MT2 montre que la souche YBF30 ne forme pas de syncytia (NSI).

V - Résultats des examens sérologiques sur le deuxième prélèvement (Novembre 1995)

(N° sérum : 95-3371)

1) LIA dot-Blot Innogenetics

Négatif pour toutes les bandes, sauf V3 SIV CPZGAB

2) Résultats des examens sérologiques de recherche sur peptides
spécifiques des groupes M et O.

Le Tableau III illustre les résultats des différenciations gp41 inter groupe O - groupe M - SIV CPZGAB avec le sérum 3371.

Tableau III
Résultats des différenciations gp41 inter groupe O - groupe M -
SIV CPZGAB avec le sérum 3371

	gp41 M	gp41 O	gp41 cpz-gab	CP	CSP
3371	1,31	1,7	0,89	0,54	2,02

5 Ces résultats confirment sur ce nouveau prélèvement (effectué chez la même patiente, en phase terminale de la maladie) qu'il existe une inhibition marquée avec le sérum de la patiente par le peptide gp41 SIV CPZGAB.

Les antigènes de la souche infectante ont donc induit des anticorps reconnaissant de façon préférentielle la gp 41 du SIV CPZGAB.

10 3) Résultats de l'isolement lymphocytaire (prélèvement novembre 95 (95-3371-YBF31))

Un rétrovirus a été isolé à partir des lymphocytes prélevés en novembre 1995, selon les techniques classiques et dénommé YBF31 ; les éléments de séquence sont identiques à ceux de YBF30.

15 VI - Amplification génomique et Séquences de YBF 30

L'ADN pour toutes les manipulations de PCR est extrait à partir des cellules de fin de culture positive.

Les PCR réalisées avec les amorces VIH-1 groupe O dans différentes régions testées sont négatives (*gag*, *pol*, *env*) . De même, celles réalisées avec les amorces spécifiques du VIH-1 groupe M sont négatives.

Les conditions d'amplification et d'hybridation pour les PCR du groupe O sont réalisées dans les conditions décrites dans Loussert-Ajaka, 1995. Les conditions d'amplification et d'hybridation pour les PCR du groupe M sont celles décrites par les Auteurs cités ci-après.

25 Ces amorces groupe M sont positionnées selon la séquence HIV-1-HXB2 :

- Dans l'*env* *gpl20* : ED3/ED12 (position 5956-5985 ; 7822-7792) ; ED5/ED14 (6556-6581 ; 7960-7931) ; ED5/ED12 ; ED3/ED14 ; ES7/ES8 (7001-7020 ; 7667-7647) (Delwart et al. Science 1993; 262 : 1257-1261).

- Dans l'*env* gp41: première PCR ED3/M29, suivie d'une PCR nichée M28/M29 (7785-7808 ; 8099-8124) ; M28/M29 présentent les séquences suivantes:

M28 : CGGTTCTT(AG)GGAGCAGC(ACT)GGAAGCA,

M29 : T(CT)T(ACGT)TCCCA(CT)T(AT)(CT)A(AGT)CCA(AGT)GTCAT ;

5 SK68/SK69 (Ou et al. Science, 1988; 239: 295-297).

- Dans le *gag* : Amplicor Roche Diagnostics systems ; amorces *gag* nichées (Loussert-Ajaka et al. Lancet 1995; 346: 912-913) ; SK38/SK39 (Ou et al., Science, 1988; 239: 295-297).

- Dans le *pol* : A/NE1 (Boucher et al., Lancet, 1990; 336: 585-590) ;
10 Pol3/Pol4 (Lauré et al., Lancet, 1988, ii, 538-541).

Seules les PCR réalisées avec les amorces H Pol sont positives (4235/4538) suivie d'une PCR nichée avec les amorces 4327/4481 (Fransen et al. Molecular and Cellular Probes 1994; 8: 31 7-322). Ce fragment H Pol, localisé dans l'intégrase (260 pb), a été séquencé. L'amplification avec les amorces HPOL est rendue
15 possible, en raison de l'excès de virus. En effet, l'ADN utilisé est extrait des cellules de fin de culture fortement positive (transcriptase inverse > 100.000 cpm). L'amplification de l'ADN extrait des cellules fraîches sans coculture est impossible de par le nombre important de mésappariement entre les amorces HPOL (surtout dans la région 3') et la séquence de l'isolat YBF30. La conservation de cette extrémité 3' est très importante
20 pour l'activité d'extension de la Taq polymérase.

1 - Séquence du gène *pol* : l'utilisation d'amorces très dégénérées pour l'amplification par RT-PCR du RNA extrait du surnageant de culture positif, a donné une amplification positive. Ce sont des amorces communes à tous les rétrovirus (Donehower et al. J. Virol. Methods 1990; 28: 33-46), situés dans la région de la
25 transcriptase inverse du gène *pol*. L'analyse du fragment après séquence a permis de générer une amorce spécifique YRT2 (SEQ ID N° 32) de l'Isolat YBF30 et d'amplifier le gène *pol* en utilisant l'amorce Hpol 4481 (Fransen et al., 1994 précité), comme amorce anti-sens. La séquence du fragment a été réalisée en synthétisant au fur et à mesure des amorces spécifiques pour chaque fragment généré (Figure 1).

30 2 - Séquence du gène *env* : la deuxième approche a été de faire une PCR longue (XL-PCR, Perkin Elmer) amplifiant tout le virus (9000 pb) en utilisant des amorces situées dans le LTR : LPBS 1 (SEQ ID N°22) ; LSiGi, suivie d'une PCR

nichée avec YRT2 (SEQ ID N° 32)/SK69 de 6000 pb, et de séquencer toute l'enveloppe en suivant la même procédure. La séquence de la région gp41 a été réalisée en utilisant une PCR nichée avec les amorces SK68/LSiGi.

- 3 - Séquence du gène *gag* : utilisation d'une PCR nichée, réalisée par
 5 PCR longue (LPBS 1 /LSiGi), avec les amorces Gag 5 et Gag 11i, et en générant au fur et à mesure des amorces spécifiques, afin de marcher sur le génome viral.

VII - Résultats des séquences

- La souche YBF30 a été complètement séquencée (voir liste des séquences). La souche YBF31 de Novembre 1995 a été partiellement séquencée et
 10 l'absence de variation significative confirme la validité des séquences de YBF30.

VIII - Synthèse de peptides de la région de la boucle V3 de la souche YBF30.

L'étude des séquences de la région de la boucle V3 a permis de synthétiser le peptide correspondant et de comparer les acides aminés de cette région de la souche YBF 30 avec ceux des autres sous-types M et des souches O.

- 15 Les séquences des peptides sont :

YBF30 :	SEQ N° ID 58
SIV CPZGAB :	CHRPNNTRGEVQIGPGMTFYNIENVYGDTRSAYC (SEQ ID N° 59)
20 GROUPE O : (ANT70)	CIRPGNRTYRNLQIGPGMTFYNVEIATGDIRKAFC (SEQ ID N° 60)
GROUPE M : (SS-TYPE A)	CTRPNNNTRKSVRIGPGQAFYATGDIIGDIRQAHG (SEQ ID N° 61)

- Le peptide a été synthétisé, à partir des 2 asparagines de la région 5'
 25 de la boucle et utilisé selon le même principe que décrit précédemment (voir IV 4)), à savoir en compétition par rapport aux peptides du groupe M, du groupe O et du SIV CPZGAB. Les résultats illustrés au Tableau IV confirment l'originalité de cette souche et l'extension possible de ces souches puisque les résultats sérologiques sont en faveur d'infection du type YBF30 au Cameroun. En outre, l'étude de 200 sérums sélectionnés
 30 VIH-1 positifs du Cameroun met en évidence un nouveau cas présentant un profil similaire à celui de YBF30.

Tableau IV
Etude de réactivité de 200 sérums

Sérum	Origine	V3A	V3cpz	V3YBF30	CP	CSP
953371	Cameroun	1,66	0,38	1,39	0,39	1,64
956295	Cameroun	1,72	0,37	1,16	0,51	1,73
967321	Cameroun	0,07	0,17	0,5	0,05	0,27
Amandine	SIVGAB	1,74	0,14	1,48	0,19	1,74
NOA.*	SIVANT	2,66	0,31	1,88	0,46	1,9

* sérum du SIV CPZ ANT

- 5 Sur ce nouveau test, la réactivité des sérums 953371 et 956295, correspondant à la patiente chez qui la souche YBF30 a été isolée, avec le peptide SIV-CPZ, a été confirmée. La plus faible réactivité vis à vis de son propre antigène V3 est classique lors des stades tardifs de la maladie. Cette réactivité reste cependant supérieure à celle relevée vis à vis du peptide M. Un autre patient camerounais (sérum
10 967321) présente le même profil de réactivité peptidique.

Bibliographie :

- 15 * Barin F. et al., *Aids Research and Human Retroviruses*, 1996, 12, 13, 1279-1289, *Diversity of Antibody Binding to V3 Peptides Representing Consensus Sequences of HIV Type 1 Genotypes A to E: An Approach for HIV Type 1 Serological Subtyping*.
- * Charneau P., Borman AM., Quillent C., Guétard D., Chamaret S., Cohen J., Rémy G., Montagnier L., and F. Clavel, *Virology*, 1994, 205, 247-253, *Isolation and envelope sequence of a highly divergent HIV-1 isolate : definition of a new HIV-1 group*.
- 20 * Descamps D., Collin G., Loussert-Ajaka I., Saragosti S., Simon F. and F. Brun-Vezinet. *AIDS*, 1995, 9, 977-978, *HIV-1 group O sensitivity to antiretroviral drugs*.
- * Huet, T., Cheynier R., Meyerhans A., Roelants G., and S. Wain-Hobson, *Nature*, 1990, 345, 356-359, *Genetic organization of a chimpanzee lentivirus related to*
25 *HIV-1*.
- * Korber BTM., MacInnes K., Smith R. and G. Myers, *J. Virol.*, 1994, 68, 6730-6744, *Mutational trends in V3 loop protein sequences observed in different genetic lineages of HIV-1*.

- * Loussert-Ajaka I., Ly TD., Chaix ML., Ingrand D., Saragosti S., Courouc  AM., Brun-Vezinet F. and F. Simon, Lancet, 1994, 343, 1393-1394, *HIV-1/HIV-2 seronegativity in HIV-1 subtype O infected patients.*
- * Loussert-Ajaka I., Chaix ML., Korber B., Letourneur F., Gomas E., Allen E., Ly TD., Brun-Vezinet F., Simon F. and S. Saragosti, J. Virol., 1995, 69, 5640-5649, *Variability of HIV type 1 group O strains isolated from Cameroonian patients living in FRANCE.*
- * Murphy, E., B. Korber, Georges-Courbot, MC., You B., Pinter A., Cook D., Kienky MP., Georges A., Mathiot C., Barr -Sinoussi F., and M. Girard, AIDS Res. Hum. Retroviruses, 1993, 9, 997-1006, *Diversity of V3 region sequences of human immunodeficiency viruses type 1 from the Central African Republic.*
- * G. Myers, Aids Res. Hum. Retrovir., 1994, 10, 11, 1317-1324, *Tenth Anniversary Perspectives on AIDS.*
- * Nkengasong, J.N., Janssens W., Heyndrickx L., Fransen K., Ndumbe PM., Motte J., Leonaers A., Ngolle M., Ayuk J., Piot P., and G. Van der Groen, AIDS, 1994, 8, 1405-1412, *Genotypic subtypes of HIV-1 in Cameroon.*
- * Sharp P.M. et al., AIDS, 1994, 8, suppl. 1, S27-S42, *Origins and diversity of human immunodeficiency viruses.*
- * Simon, F., T.D. Ly, A. Baillou-Beaufils, V. Schneider-Fauveau, J. de Saint-Martin, I. Loussert-Ajaka, M.L. Chaix, S. Saragosti, A.M. Courouc , D. Ingrand, C. Janot, and F. Brun-Vezinet. AIDS, 1994, 8, 1628-1629. *Sensitivity of screening kits for anti-HIV-1 subtype O antibodies.*
- * Zekeng, L., L. Gurtler, E. Afane Ze, A. Sam-Abbenyi, G. Mbouni, Essomba, E. Mpoudi-Ngolle, M. Monny-Lobbe, J.B. Tapko, and L. Kaptue, AIDS, 1994, 8, 1626-1628, *Prevalence of HIV-1 subtype O infection in Cameroon : preliminary results.*

Ainsi que cela ressort de ce qui pr c de, l'invention ne se limite nullement   ceux de ses modes de mise en oeuvre, de r alisation et d'application qui viennent d' tre d crits de fa on plus explicite ; elle en embrasse au contraire toutes les variantes qui peuvent venir   l'esprit du technicien en la mati re, sans s' carter du cadre, ni de la port e, de la pr sente invention.

LISTE DE SEQUENCES

(1) INFORMATIONS GENERALES:

(i) DEPOSANT:

(A) NOM: INSTITUT NATIONAL DE LA SANTE ET DE LA
RECHERCHE MEDICALE - INSERM

(B) RUE: 101 rue de Tolbiac

(C) VILLE: PARIS

(E) PAYS: FRANCE

(F) CODE POSTAL: 75654 CEDEX 13

(A) NOM: ASSISTANCE PUBLIQUE-HOPITAUX DE PARIS

(B) RUE: 3 avenue Victoria

(C) VILLE: PARIS

(E) PAYS: FRANCE

(F) CODE POSTAL: 75100 RP

(A) NOM: INSTITUT PASTEUR

(B) RUE: 28 rue du Docteur Roux

(C) VILLE: PARIS

(E) PAYS: FRANCE

(F) CODE POSTAL: 75724 Cédex 15

(A) NOM: MAUCLERE Philippe

(B) RUE: 2 rue Buhan

(C) VILLE: BORDEAUX

(E) PAYS: FRANCE

(F) CODE POSTAL: 33000

(A) NOM: LOUSSERT-AJAKA Ibtissam

(B) RUE: 26 avenue de la République

(C) VILLE: SARTROUVILLE

(E) PAYS: FRANCE

(F) CODE POSTAL: 78500

(A) NOM: SIMON François

(B) RUE: 8 rue Germain Pilon

(C) VILLE: PARIS

(E) PAYS: FRANCE

(F) CODE POSTAL: 75018

(A) NOM: SARAGOSTI Sentob

(B) RUE: 69 bis rue de Billancourt

(C) VILLE: BOULOGNE BILLANCOURT

(E) PAYS: FRANCE

(F) CODE POSTAL: 92100

(A) NOM: BARRE-SINOUSSE Françoise

(B) RUE: 104 Le Capricorne, 50 rue d'Erevan

(C) VILLE: ISSY LES MOULINEAUX

(E) PAYS: FRANCE

(F) CODE POSTAL: 92130

(ii) TITRE DE L'INVENTION: SOUCHES DE VIH-1 NON-M NON-O, FRAGMENTS ET
APPLICATIONS.

(iii) NOMBRE DE SEQUENCES: 61

(iv) FORME DECHIFFRABLE PAR ORDINATEUR:

- (A) TYPE DE SUPPORT: Floppy disk
- (B) ORDINATEUR: IBM PC compatible
- (C) SYSTEME D' EXPLOITATION: PC-DOS/MS-DOS
- (D) LOGICIEL: PatentIn Release #1.0, Version #1.30 (OEB)

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 1:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 9183 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN (génomique)

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 1:

```

CTTCTCGCTT GTACTGGGTC TCTCTTGCTG GACCAGATTA GAGCCTGGGA GCTCTCTGGC   60
TAGCAGGGAA CCCACTGCTT AAGCCTCAAT AAAGCTTGCC TTGAGTGCTA AAGTGGTGTG  120
TGCCCATCCA TTCGGTAACT CTGGTACCTA GAGATCCCTC AGACCATCTA GACTGAGTGA  180
AAAATCTCTA GCAGTGGCGC CCGAACAGGG ACTTGAAAAC GAAAGTAGAA CCGGAGGCTG  240
AATCTCTCGA CGCAGGACTC GGCTCGTTGG TGCACACAGC GAGAGGCGAG GCGGCGGAAG  300
TGTGAGTACG CAATTTTGAC TGGCGGTGGC CAGAAAGTAG GAGAGAGGAT GGGTGCGAGA  360
GCGTCAGTGT TAACAGGGGG AAAATTAGAT CAATGGGAAT CAATTTATTT GAGACCAGGG  420
GGAAAGAAAA AATACAGAAT GAAACATTTA GTATGGGCAA GCAGGGAGCT GGAAAGATTC  480
GCTTGTAACC CAGGTCTCAT GGACACAGCG GACGGCTGTG CCAAGTTACT AAATCAATTA  540
GAACCAGCTC TCAAGACAGG GTCAGAAGAA CTGCGCTCTT TATATAACGC TCTAGCAGTT  600
CTTTATTGTG TCCATAGTAG GATACAGATA CACAACACAC AGGAAGCTTT GGACAAGATA  660
AAAGAGAAAC AGGAACAGCA CAAGCCCGAG CCAAAAAACC CAGAAGCAGG GGCAGCGGCA  720
GCAACTGATA GCAATATCAG TAGGAATTAT CCTCTAGTCC AGACTGCTCA AGGACAAATG  780
GTACATCAGC CGCTGACACC CAGAACCTTA AATGCTTGGG TGAAAGTGAT AGAGGAGAAG  840
GCCTTTAGTC CAGAAGTAAT ACCAATGTTT ATGGCCTTGT CAGAAGGGGC AACGCCCTCA  900
GATCTAAATA CTATGTTAAA TACAGTAGGG GGACATCAGG CAGCAATGCA GATGCTGAAG  960
GAAGTCATCA ATGAGGAAGC AGCAGACTGG GATAGGACAC ATCCAGTCCC TGTGGGACCA 1020
CTACCCCCAG GGCAACTGAG AGACCCTAGA GGAAGTGATA TAGCAGGAAC AACTAGCACC 1080
CTGGCAGAAC AGGTGGCTTG GATGACTGCT AATCCTCTG TTCCAGTAGG AGATATTTAT 1140
AGAAGATGGA TAGTCCTGGG GTTAAACAGA ATTGTGAGAA TGTATAGTCC TGTCAGCATT 1200
CTAGAGATCA AACAAGGACC AAAAGAACCC TTCAGAGACT ATGTAGACAG GTTCTACAAA 1260
ACTCTAAGAG CAGAGCAGGC AACACAGGAA GTAAAGAATT GGATGACAGA AACACTCTTA 1320
GTACAAAATG CAAACCCAGA TTGTAAACAG CTCCTAAAAG CATTAGGGCC AGGAGCTACC 1380
TTAGAAGAGA TGATGACGGC CTGCCAGGGA GTGGGGGGAC CAGCACATAA GGCAAGAGTG 1440

```

CTAGCAGAGG CTATGTCACA GGTGCAGCAG CCAACAAC TA GTGTCTTTGC ACAAAGGGGA 1500
 AACTTTAAAG GCATAAGGAA ACCCATTA AA TGTTC AATT GTGGCAAAGA GGGCCATTTG 1560
 GCAAGAACT GTAAGGCCCC TAGAAGAGGA GGCTGTTGGA AGTGTGGGCA AGAAGGACAT 1620
 CAAATGAAAG ATTGTAAAA TGAAGGAAGA CAGGCTAATT TTTTAGGGAA GAGCTGGTCT 1680
 CCCTTCAAAG GGAGACCAGG AAAC TTCCCC CAGACAACAA CAAGGAAAGA GCCCACAGCC 1740
 CCGCCACTAG AGAGTTATGG GTTTCAGGAG GAGAAGAGCA CACAGGGGAA GGAGATGCAG 1800
 GAGAACCAGG AGAGGACAGA GAACTCTCTG TACCCACCTT TAACTTCCCT CAGATCACTC 1860
 TTTGGCAACG ACCCGTCATC ACAGTAAAA TAGGGAAAGA AGTAAGAGAA GCTCTTTTAG 1920
 ATACAGGAGC TGATGATACA GTAATAGAAG AGCTACAATT AGAGGGAAAA TGGAAACCAA 1980
 AAATGATAGG AGGAATTGGA GGATTTATCA AAGTGAGACA ATATGATAAT ATAACAGTAG 2040
 ACATACAGGG AAGAAAAGCA GTTGGTACAG TATTAGTAGG ACCAACACCT GTTAATATTA 2100
 TAGGAAGAAA TCTTTTAACC CAGATTGGCT GTACTTTAA TTTTCCAATA AGTCCTATTG 2160
 AAAGTGATAC AGTAAATTA AAACCAGGAA TGGATGGCCC AAAGGTAAAA CAATGGCCTT 2220
 TGACAACAGA AAAAATAGAG GCATTAAGAG AAATTTGTAC AGAAATGGAA AAGGAAGGAA 2280
 AAATTTCTAG AATAGGGCCT GAGAATCCAT ATAACACTCC AATTTTGTCT ATAAAAAGA 2340
 AAGATAGCAC TAAATGGAGA AAATTAGTAG ATTT CAGGGA ATTAAATAAA AGGACCCAAG 2400
 ATTTTGGGA AGTGCAGCTA GGAATCCAC ATCCAGCAGG ATTAAAGCAG AAAAAATCAG 2460
 TGACAGTTTT GGATGTAGGA GATGCTTATT TTTCATGTCC CTTGGACAAA GATTTTAGAA 2520
 AGTATACAGC TTTTACCATA CCTAGTATAA ACAATGAGAC ACCTGGTATT AGATACCACT 2580
 ATAATGTGCT GCCACAAGGC TGGAAAGGGT CACCAGCAAT TTTTCAGAGT ACAATGACAA 2640
 AAATTC TAGA ACCATTCAGA GAGAAACATC CAGAGATAAT CATTTACCAG TACATGGATG 2700
 ACCTCTATGT GGGATCTGAC TTAGA ACTAG CACAACATAG AGAGGCAGTA GAAGACCTTA 2760
 GAGATCATCT TTTGAAGTGG GGCTTTACGA CCCCTGACAA AAAACATCAG AAGGAACCCC 2820
 CGTTCCTCTG GATGGGATAT GAACTCCATC CAGACAAATG GACAGTCCAG CCAATAAAGT 2880
 TACCAGAAAA GGATGTATGG ACTGTCAATG ATATACAGAA ATTAGTAGGA AAGTTAAATT 2940
 GGGCAAGTCA GATCTATCCA GGAATCAGAG TAAAACAGCT CTGTAAATTA ATCAGAGGAA 3000
 CCAAAGCTTT GACAGAAGTA GTCAACTTTA CAGAAGAAGC AGAATTAGAA CTAGCAGAAA 3060
 ACAGGGAGAT ATTAAAAGAA CCCCTGCATG GAGTCTATTA TGACCCAGGA AAAGAATTAG 3120
 TAGCAGAAAT TCAAAAGCAA GGACAAGGTC AGTGGACATA TCAGATTTAT CAGGAGTTAC 3180
 ATAAAAATTT AAAAACAGGA AAGTATGCAA AAATGAGATC TGCCCATACT AATGATATAA 3240
 AACAGTTAGT TGAAGTGGTA AGGAAAGTGG CAACAGAAAG TATAGTAATT TGGGGAAAAGA 3300
 CTCCTAAATT TAGATTACCA GTACAAAAGG AAGTGTGGGA GGCATGGTGG ACCGATCATT 3360
 GGCAAGCAAC TTGGATTCCT GAGTGGGAAT TTGTCAACAC TCCTCCCCTT GTAAAATTAT 3420

GGTATCAGTT AGAAACAGAG CCAATCAGTG GGGCAGAAAC TTTCTATGTA GATGGAGCAG 3480
CTAATAGGGA AACAAAATTG GGAAAAGCAG GTTTTGTGAC AGATAGGGGA AGACAGAAAAG 3540
TGGTCTCTAT TGCAGACACC ACCAATCAAA AGGCTGAGTT ACAAGCTATC CTTATGGCCT 3600
TACAAGAGTC AGGACGGGAT GTAAACATAG TCACTGACTC TCAGTATGCT ATGGGAATAA 3660
TTCATTACACA GCCAGATAAA AGTGAATCAG AATTGGTGAG CCAAATAATA GAAGAGCTCA 3720
TAAAAAAGGA AAGAGTTTAT CTCTCTTGGG TACCTGCACA TAAAGGTATT GGAGGAAATG 3780
AGCAGGTAGA CAAATTAGTT AGCTCAGGAA TTAGAAAAAT ATTATTCCTA GATGGTATAG 3840
AAAAAGCCCA AGAAGATCAT GACAGATATC ACAGCAATTG GAAAGCAATG GCCAGTGATT 3900
TTAACTTACC CCCCATAGTG GCAAAAAGAA TAGTAGCCAG CTGTGACAAA TGCCAGCTAA 3960
AAGGGGAAGC CATGCATGGA CAGGTCAATT GTAGTCCAGG AGTGTGGCAA TTAGATTGTA 4020
CACACTTAGA GGGAAAAATC ATCCTTGTGG CGGTCCATGT GGCCAGTGGC TACTTAGAAG 4080
CAGAAGTTAT TCCTGCAGAG ACAGGACAGG AAACAGCATA TTTTATTTTA AAGTTAGCTG 4140
GAAGATGGCC AGTAAAAGTT ATACACACTG ATAATGGATC CAATTTCACT AGTGCCACTG 4200
TAAAAGCAGC CTGTTGGTGG GCAAATATCA AACAGGAATT TGGGATACCC TACAATCCTC 4260
AAAGTCAGGG AGCAGTAGAG TCCATGAATA AAGAATTAA GAAAATTATA GGACAAATCA 4320
GAGATCAAGC AGAACATCTA AAGACAGCAG TGCAAATGGC GGTTTTCATT CACAATTTTA 4380
AAAGAAAAGG GGGGATTGGG GGGTACACTG CAGGGGAAAG AATAATAGAC ATAATAGCAA 4440
CAGACATACA GACAACAAAT TTACAAACAC AAATTTTAA AGTTCAAAAT TTTCCGGGTTT 4500
ATTACAGAGA CAGCAGAGAT CCCATTTGGA AAGGACCAGC CAACTTCTG TGGAAAGGAG 4560
AAGGGGCAGT GGTAATTCAA GATAACGGGG ATATAAAAGT AGTCCCACGT AGGAAAGCAA 4620
AAATAATTAG GGATTATGGA AAACAGATGG CAGGTGATGG TTGTGTGGCA AGTGACAGG 4680
ATGAAAATCA GGAAATGGAA TAGCTTAGTA AAACATCATA TGTATGTGTC AAAAAAGGCA 4740
AAAGGATGGT ATTATAGACA TCATTATGAA ACACATCACC CAAAAATAAG TTCAGAAGTA 4800
CATATCCAG TAGGTCAGGC AAGATTAGTG ACAGTCACTT ATTGGGGGCT AACACAGGA 4860
GAACAGTCTT GGCATCTAGG ACATGGAGTA TCCATAGAAT GGAGACTAAG AAAATACAAG 4920
ACACAAGTTG ATCCTGAAAT GGCAGACAAG CTAATACATC TTCATTATTT TGATTGTTTT 4980
ACAGCCTCTG CCATAAGGCA AGCGGTCTTA GGGAGACCAG TATTACCTAG GTGTGAATAT 5040
CCAGCAGGGC ACAAACAGGT AGGCACCCTA CAATATCTAG CACTAACAGC CTGGGTGGGA 5100
GCAAAGAAGA GAAAGCCACC CTTACCTAGT GTGACTAAGC TAACAGAAGA TAGATGGAAC 5160
GAGCACCAGA AGATGCAGGG CCACAGAGGG AACCCTATAA TGAATGGGCA CTAGAATTAT 5220
TAGAAGAATT AAAAAATGAA GCTGTGCGCC ATTTTCCAAG GATTTGGCTA CATGGGTTAG 5280
GACAACACAT CTATAACACA TATGGAGACA CCTGGGAGGG GGTAGAGGCA ATTATCAGGA 5340
TACTACAACA ATTACTGTTT ATCCATTATA GGATTGGCTG CCAGCACAGC AGAATAGGGA 5400

TCACTCCTCA AAGGAGAAGG AATGGAACCA GTAGATCCTA GATTAGAGCC CTGGAATCAT 5460
 CCAGGAAGCC AACCTAAAAC AGCTTGCAAT AATTGCTATT GTAAAAGATG TTGCTATCAC 5520
 TGCTTATATT GCTTCACAAA GAAAGGCTTA GGCATCTCAT ATGGCAGGAA GAAGCGGAGT 5580
 CAACGACGAA GAACTCCTCA GAGCAGTAAG AGTCATCAAG ATCTTATACC AGAGCAGTAA 5640
 GTAAAACCTG TATATATGCT GTCATTGGGA TTCATAGCGT TAGGAGCAGC AGTTAGCATA 5700
 GCAGTAATAG TCTGGGCATT ACTATATAGA GAATATAAGA AAATAAAATT GCAGGAAAAA 5760
 ATAAAACACA TAAGACAGAG AATAAGAGAA AGAGAAGAAG ATAGTGGCAA TGAAAGTGAT 5820
 GGGGATGCAG AGTGGTTGGA TGGGGATGAA GAGTGGTTGG TTA CTCTTCT ATCTTCTAGT 5880
 AAGCTTGATC AAGGTAATTG GGTCTGAACA ACATTGGGTA ACAGTG TACT ATGGGGTACC 5940
 AGTATGGAGA GAAGCAGAGA CAACTCTTTT CTGTGCTTCA GATGCTAAAG CCCATAGTAC 6000
 AGAGGCTCAC AACATCTGGG CCACACAAGC ATGTGTTCCCT ACTGATCCCA ATCCACAAGA 6060
 AGTGCTATTA CCCAATGTAA CTGAAAAATT TAATATGTGG GAAAAATAAA TGGCAGACCA 6120
 AATGCAAGAG GATATTATCA GTCTGTGGGA ACAGAGCTTA AAGCCCTGTG TTAAATTAAC 6180
 CCCATTATGT GTAACATATGC TTTGTAACGA TAGCTATGGG GAGGAAAGGA ACAATACAAA 6240
 TATGACAACA AGAGAACCAG ACATAGGATA CAAACAAATG AAAAATTGCT CATTCAATGC 6300
 AACCCTGAG CTAACAGATA AAAAGAAGCA AGTTTACTCT CTGTTTTATG TAGAAGATGT 6360
 AGTACCAATC AATGCCTATA ATAAAACATA TAGGCTAATA AATTGTAATA CCACAGCTGT 6420
 GACACAAGCT TGTCTTAAGA CTTCTTTTGA GCCAATTCCA ATACATTACT GTGCACCACC 6480
 AGGCTTTGCC ATTATGAAAT GTAATGAAGG AAACCTTAGT GGAAATGGAA GCTGTACAAA 6540
 TGTGAGTACT GTACAATGCA CACATGGAAT AAAGCCAGTG ATATCCACTC AGTTAATCCT 6600
 AAATGGAAGC TTAAATACAG ATGGAATTGT TATTAGAAAT GATAGTCACA GTAATCTGTT 6660
 GGTGCAATGG AATGAGACAG TGCCAATAAA TTGTACAAGG CCAGGAAATA ATACAGGAGG 6720
 ACAGGTGCAG ATAGGACCTG CTATGACATT TTATAACATA GAAAAAATAG TAGGAGACAT 6780
 TAGACAAGCA TACTGTAATG TCTCTAAAGA ACTATGGGAA CCAATGTGGA ATAGAACAAG 6840
 AGAGGAAATA AAGAAAATCC TGGGGAAAAA CAACATAACC TTCAGGGCTC GAGAGAGGAA 6900
 TGAAGGAGAC CTAGAAGTGA CACACTTAAT GTTCAATTGT AGAGGAGAGT TTTTCTATTG 6960
 TAACACTTCC AAATTATTTA ATGAGGAATT ACTTAACGAG ACAGGTGAGC CTATTACTCT 7020
 GCCTTG TAGA ATAAGACAGA TTGTAAATTT GTGGACAAGG GTAGGAAAAG GAATTTATGC 7080
 ACCACCAATT CGGGGAGTTC TTAAGTGTAC CTCCAATATT ACTGGACTGG TTCTAGAATA 7140
 TAGTGGTGGG CCTGACACCA AGGAAACAAT AGTATATCCC TCAGGAGGAA ACATGGTTAA 7200
 TCTCTGGAGA CAAGAGTTGT ATAAGTACAA AGTAGTTAGC ATAGAACCCA TAGGAGTAGC 7260
 ACCAGGTAAA GCTAAAAGAC GCACAGTGAG TAGAGAAAAA AGAGCAGCCT TTGGACTAGG 7320
 TGCGCTGTTT CTTGGGTTTC TTGGAGCAGC AGGGAGCACT ATGGGCGCAG CGTCAATAAC 7380

GCTGACGGTA CAGGCCCCGA CATTATTATC TGGGATAGTG CAACAGCAGA ATATTCTGTT 7440
GAGAGCAATA GAGGCGCAAC AACATTTGTT GCAACTCTCA ATCTGGGGCA TTAAACAGCT 7500
CCAGGCAAAA GTCCTTGCTA TAGAAAGATA CCTTAGGGAT CAGCAAATCC TAAGTCTATG 7560
GGGCTGCTCA GGAAAAACAA TATGCTATAC CACTGTGCCT TGGAATGAGA CTTGGAGCAA 7620
CAATACCTCT TATGATACAA TCTGGAATAA TTAACTTGG CAACAATGGG ATGAGAAAAGT 7680
AAGAACTAT TCAGGTGTCA TTTTGGACT TATAGAACAG GCACAAGAAC AACAGAACAC 7740
AAATGAGAAA TCACTCTTGG AATTGGATCA ATGGGACAGT CTGTGGAGCT GGTTCGGTAT 7800
TACAAAATGG CTGTGGTATA TAAAAATAGC TATAATGATA GTAGCAGGCA TTGTAGGCAT 7860
AAGAATCATA AGTATAGTAA TAACTATAAT AGCAAGAGTT AGGCAGGGAT ATTCTCCCCT 7920
TTCGTTGCAG ACCCTTATCC CAACAGCAAG GGGACCAGAC AGGCCAGAAG AAACAGAAGG 7980
AGGCGTTGGA GAGCAAGACA GAGGCAGATC CGTGCATTGA GTGAGCGGAT TCTCAGCTCT 8040
TGTCTGGGAG GACCTCCGA ACCTGTTGAT CTTCTCTAC CACCGCTTGA CAGACTCACT 8100
CTTGATACTG AGGAGGACTC TGGAACCTCT GGGACAGAGT CTCAGCAGGG GACTGCAACT 8160
ACTGAATGAA CTCAGAACAC ACTTGTGGGG AATACTTGCA TATTGGGGAA AAGAGTTAAG 8220
GGATAGTGCT ATCAGCTTGC TTAATACAAC AGCTATTGTA GTAGCAGAAG GAACAGATAG 8280
GATTATAGAA TTAGCACAAA GAATAGGAAG GGAATATTA CACATACCTA GAAGAATCAG 8340
ACAAGGCCTA GAAAGAGCAC TGATATAAGA TGGGAAAGAT TTGGTCAAAG AGCAGCCTAG 8400
TAGGATGGCC AGAAATCAGA GAAAGAATGA GAAGACAAAC GCAAGAACCA GCAGTAGAGC 8460
CAGCAGTAGG AGCAGGAGCA GCTTCTCAAG ATCTAGCTAA TCGAGGGGCC ATCACCATAA 8520
GAAATACTAG AGACAATAAT GAAAGTATAG CTTGGCTAGA AGCACAAGAA GAAGAAGAGG 8580
AAGTAGGCTT TCCAGTACGC CCTCAGGTAC CATTAGGCC AATAACCTAT AAACAGGCTT 8640
TTGATCTTTC CTTCTTTTAA AAAGATAAGG GGGGACTGGA AGGGCTAGTT TGGTCCAGAA 8700
AAAGGCAAGA TATTCTAGAC CTCTGGATGT ATCACACACA AGGCATCCTC CCTGACTGGC 8760
ATAACTACAC ACCAGGGCCA GGAATTAGAT ACCCCGTAAC CTTTGGATGG TGCTTCAAAC 8820
TAGTACCATT GTCAGCTGAA GAAGTAGAAG AGGCTAATGA AGGAGACAAC AATGCCCTCT 8880
TACACCCCAT ATGTCAACAT GGAGCAGATG ATGATCATAA AGAAGTGTG GTGTGGCGAT 8940
TTGACAGCTC CCTAGCAAGA AGACATGTAG CAAGAGAGCT GCATCCGGAG TTTTACAAGA 9000
ACTGCTGACA AGGGACTTTA CTGCTGACAA GGGACTTTAT ACTTGGGGAC TTTCCGCCAG 9060
GGACTTTCCA GGGAGGTGTG GTTGGGGGAG TGGCTTGCCC TCAGAGCTGC ATAAAAGCAG 9120
CCGCTTCTCG CTTGTACTGG GTCTCTCTTG CTGGACCAGA TTAGAGTCTG GGAGCATATT 9180
GGG 9183

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 2:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 813 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN (génomique)

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 2:

```

TTGGAAGGGC TAGTTTGGTC CAGAAAAGG CAAGATATTC TAGACCTCTG GATGTATCAC   60
ACACAAGGCA TCCTCCCTGA CTGGCATAAC TACACACCAG GGCCAGGAAT TAGATACCCC  120
GTAACCTTTG GATGGTGCTT CAAACTAGTA CCATTGTCAG CTGAAGAAGT AGAAGAGGCT  180
AATGAAGGAG ACAACAATGC CCTCTTACAC CCCATATGTC AACATGGAGC AGATGATGAT  240
CATAAAGAAG TGTGGGTGTG GCGATTTGAC AGCTCCCTAG CAAGAAGACA TGTAGCAAGA  300
GAGCTGCATC CGGAGTTTTA CAAGAACTGC TGACAAGGGA CTTTACTGCT GACAAGGGAC  360
TTTATACTTG GGGACTTTCC GCCAGGGACT TTCCAGGGAG GTGTGGTTGG GGGAGTGGCT  420
TGCCCTCAGA GCTGCATAAA AGCAGCCGCT TCTCGCTTGT ACTGGGTCTC TCTTGCTGGA  480
CTATACAGAT TAGAGCCTGG GAGCTCTCTG GCTAGCAGGG AACCCACTGC TTAAGCCTCA  540
ATAAATACAG CTTGCCTTGA GTGCTAAAGT GGTGTGTGCC CATCCATTCG GTAAGTCTGG  600
TACCTAGAGA ATCCCTCAGA CCATCTAGAC TGAGTGAAAA ATCTCTAGCA GTGGCGCCCCG  660
AACAGGGACT TAGTTGAAAA CGAAAGTAGA ACCGGAGGCT GAATCTCTCG ACGCAGGACT  720
CGGCTCGTTG GTGCACACAG CGAGAGGCGA GCGGCGGAA GTGTGAGTAC GCAATTTTGA  780
CTGGCGGTGG CCAGAAAGTA GGAGAGAGGG AGG                               813

```

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 3:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 1539 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN (génomique)

(ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: CDS
- (B) EMPLACEMENT: 1..1536

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 3:

```

ATG GGT GCG AGA GCG TCA GTG TTA ACA GGG GGA AAA TTA GAT CAA TGG   48
Met Gly Ala Arg Ala Ser Val Leu Thr Gly Gly Lys Leu Asp Gln Trp
  1             5             10             15

GAA TCA ATT TAT TTG AGA CCA GGG GGA AAG AAA AAA TAC AGA ATG AAA   96
Glu Ser Ile Tyr Leu Arg Pro Gly Gly Lys Lys Lys Tyr Arg Met Lys
      20             25             30

```

CAT	TTA	GTA	TGG	GCA	AGC	AGG	GAG	CTG	GAA	AGA	TTC	GCT	TGT	AAC	CCA	144
His	Leu	Val	Trp	Ala	Ser	Arg	Glu	Leu	Glu	Arg	Phe	Ala	Cys	Asn	Pro	
		35					40					45				
GGT	CTC	ATG	GAC	ACA	GCG	GAC	GGC	TGT	GCC	AAG	TTA	CTA	AAT	CAA	TTA	192
Gly	Leu	Met	Asp	Thr	Ala	Asp	Gly	Cys	Ala	Lys	Leu	Leu	Asn	Gln	Leu	
	50					55					60					
GAA	CCA	GCT	CTC	AAG	ACA	GGG	TCA	GAA	GAA	CTG	CGC	TCT	TTA	TAT	AAC	240
Glu	Pro	Ala	Leu	Lys	Thr	Gly	Ser	Glu	Glu	Leu	Arg	Ser	Leu	Tyr	Asn	
65					70					75					80	
GCT	CTA	GCA	GTT	CTT	TAT	TGT	GTC	CAT	AGT	AGG	ATA	CAG	ATA	CAC	AAC	288
Ala	Leu	Ala	Val	Leu	Tyr	Cys	Val	His	Ser	Arg	Ile	Gln	Ile	His	Asn	
				85					90					95		
ACA	CAG	GAA	GCT	TTG	GAC	AAG	ATA	AAA	GAG	AAA	CAG	GAA	CAG	CAC	AAG	336
Thr	Gln	Glu	Ala	Leu	Asp	Lys	Ile	Lys	Glu	Lys	Gln	Glu	Gln	His	Lys	
			100					105					110			
CCC	GAG	CCA	AAA	AAC	CCA	GAA	GCA	GGG	GCA	GCG	GCA	GCA	ACT	GAT	AGC	384
Pro	Glu	Pro	Lys	Asn	Pro	Glu	Ala	Gly	Ala	Ala	Ala	Ala	Thr	Asp	Ser	
		115					120					125				
AAT	ATC	AGT	AGG	AAT	TAT	CCT	CTA	GTC	CAG	ACT	GCT	CAA	GGA	CAA	ATG	432
Asn	Ile	Ser	Arg	Asn	Tyr	Pro	Leu	Val	Gln	Thr	Ala	Gln	Gly	Gln	Met	
	130					135					140					
GTA	CAT	CAG	CCG	CTG	ACA	CCC	AGA	ACC	TTA	AAT	GCT	TGG	GTG	AAA	GTG	480
Val	His	Gln	Pro	Leu	Thr	Pro	Arg	Thr	Leu	Asn	Ala	Trp	Val	Lys	Val	
145					150					155					160	
ATA	GAG	GAG	AAG	GCC	TTT	AGT	CCA	GAA	GTA	ATA	CCA	ATG	TTT	ATG	GCC	528
Ile	Glu	Glu	Lys	Ala	Phe	Ser	Pro	Glu	Val	Ile	Pro	Met	Phe	Met	Ala	
			165					170						175		
TTG	TCA	GAA	GGG	GCA	ACG	CCC	TCA	GAT	CTA	AAT	ACT	ATG	TTA	AAT	ACA	576
Leu	Ser	Glu	Gly	Ala	Thr	Pro	Ser	Asp	Leu	Asn	Thr	Met	Leu	Asn	Thr	
			180					185					190			
GTA	GGG	GGA	CAT	CAG	GCA	GCA	ATG	CAG	ATG	CTG	AAG	GAA	GTC	ATC	AAT	624
Val	Gly	Gly	His	Gln	Ala	Ala	Met	Gln	Met	Leu	Lys	Glu	Val	Ile	Asn	
		195					200					205				
GAG	GAA	GCA	GCA	GAC	TGG	GAT	AGG	ACA	CAT	CCA	GTC	CCT	GTG	GGA	CCA	672
Glu	Glu	Ala	Ala	Asp	Trp	Asp	Arg	Thr	His	Pro	Val	Pro	Val	Gly	Pro	
	210					215					220					
CTA	CCC	CCA	GGG	CAA	CTG	AGA	GAC	CCT	AGA	GGA	AGT	GAT	ATA	GCA	GGA	720
Leu	Pro	Pro	Gly	Gln	Leu	Arg	Asp	Pro	Arg	Gly	Ser	Asp	Ile	Ala	Gly	
225					230					235					240	
ACA	ACT	AGC	ACC	CTG	GCA	GAA	CAG	GTG	GCT	TGG	ATG	ACT	GCT	AAT	CCT	768
Thr	Thr	Ser	Thr	Leu	Ala	Glu	Gln	Val	Ala	Trp	Met	Thr	Ala	Asn	Pro	
				245					250					255		
CCT	GTT	CCA	GTA	GGA	GAT	ATT	TAT	AGA	AGA	TGG	ATA	GTC	CTG	GGG	TTA	816
Pro	Val	Pro	Val	Gly	Asp	Ile	Tyr	Arg	Arg	Trp	Ile	Val	Leu	Gly	Leu	
			260					265					270			
AAC	AGA	ATT	GTG	AGA	ATG	TAT	AGT	CCT	GTC	AGC	ATT	CTA	GAG	ATC	AAA	864
Asn	Arg	Ile	Val	Arg	Met	Tyr	Ser	Pro	Val	Ser	Ile	Leu	Glu	Ile	Lys	
		275					280					285				

CAA GGA CCA AAA GAA CCC TTC AGA GAC TAT GTA GAC AGG TTC TAC AAA Gln Gly Pro Lys Glu Pro Phe Arg Asp Tyr Val Asp Arg Phe Tyr Lys 290 295 300	912
ACT CTA AGA GCA GAG CAG GCA ACA CAG GAA GTA AAG AAT TGG ATG ACA Thr Leu Arg Ala Glu Gln Ala Thr Gln Glu Val Lys Asn Trp Met Thr 305 310 315 320	960
GAA ACA CTC TTA GTA CAA AAT GCA AAC CCA GAT TGT AAA CAG CTC CTA Glu Thr Leu Leu Val Gln Asn Ala Asn Pro Asp Cys Lys Gln Leu Leu 325 330 335	1008
AAA GCA TTA GGG CCA GGA GCT ACC TTA GAA GAG ATG ATG ACG GCC TGC Lys Ala Leu Gly Pro Gly Ala Thr Leu Glu Glu Met Met Thr Ala Cys 340 345 350	1056
CAG GGA GTG GGG GGA CCA GCA CAT AAG GCA AGA GTG CTA GCA GAG GCT Gln Gly Val Gly Gly Pro Ala His Lys Ala Arg Val Leu Ala Glu Ala 355 360 365	1104
ATG TCA CAG GTG CAG CAG CCA ACA ACT AGT GTC TTT GCA CAA AGG GGA Met Ser Gln Val Gln Gln Pro Thr Thr Ser Val Phe Ala Gln Arg Gly 370 375 380	1152
AAC TTT AAA GGC ATA AGG AAA CCC ATT AAA TGT TTC AAT TGT GGC AAA Asn Phe Lys Gly Ile Arg Lys Pro Ile Lys Cys Phe Asn Cys Gly Lys 385 390 395 400	1200
GAG GGC CAT TTG GCA AGA AAC TGT AAG GCC CCT AGA AGA GGA GGC TGT Glu Gly His Leu Ala Arg Asn Cys Lys Ala Pro Arg Arg Gly Gly Cys 405 410 415	1248
TGG AAG TGT GGG CAA GAA GGA CAT CAA ATG AAA GAT TGT AAA AAT GAA Trp Lys Cys Gly Gln Glu Gly His Gln Met Lys Asp Cys Lys Asn Glu 420 425 430	1296
GGA AGA CAG GCT AAT TTT TTA GGG AAG AGC TGG TCT CCC TTC AAA GGG Gly Arg Gln Ala Asn Phe Leu Gly Lys Ser Trp Ser Pro Phe Lys Gly 435 440 445	1344
AGA CCA GGA AAC TTC CCC CAG ACA ACA ACA AGG AAA GAG CCC ACA GCC Arg Pro Gly Asn Phe Pro Gln Thr Thr Thr Arg Lys Glu Pro Thr Ala 450 455 460	1392
CCG CCA CTA GAG AGT TAT GGG TTT CAG GAG GAG AAG AGC ACA CAG GGG Pro Pro Leu Glu Ser Tyr Gly Phe Gln Glu Glu Lys Ser Thr Gln Gly 465 470 475 480	1440
AAG GAG ATG CAG GAG AAC CAG GAG AGG ACA GAG AAC TCT CTG TAC CCA Lys Glu Met Gln Glu Asn Gln Glu Arg Thr Glu Asn Ser Leu Tyr Pro 485 490 495	1488
CCT TTA ACT TCC CTC AGA TCA CTC TTT GGC AAC GAC CCG TCA TCA CAG Pro Leu Thr Ser Leu Arg Ser Leu Phe Gly Asn Asp Pro Ser Ser Gln 500 505 510	1536
TAA	1539

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 4:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
- (A) LONGUEUR: 512 acides aminés
 - (B) TYPE: acide aminé
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: protéine

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 4:

Met	Gly	Ala	Arg	Ala	Ser	Val	Leu	Thr	Gly	Gly	Lys	Leu	Asp	Gln	Trp	1	5	10	15
Glu	Ser	Ile	Tyr	Leu	Arg	Pro	Gly	Gly	Lys	Lys	Lys	Tyr	Arg	Met	Lys	20	25	30	
His	Leu	Val	Trp	Ala	Ser	Arg	Glu	Leu	Glu	Arg	Phe	Ala	Cys	Asn	Pro	35	40	45	
Gly	Leu	Met	Asp	Thr	Ala	Asp	Gly	Cys	Ala	Lys	Leu	Leu	Asn	Gln	Leu	50	55	60	
Glu	Pro	Ala	Leu	Lys	Thr	Gly	Ser	Glu	Glu	Leu	Arg	Ser	Leu	Tyr	Asn	65	70	75	
Ala	Leu	Ala	Val	Leu	Tyr	Cys	Val	His	Ser	Arg	Ile	Gln	Ile	His	Asn	85	90	95	
Thr	Gln	Glu	Ala	Leu	Asp	Lys	Ile	Lys	Glu	Lys	Gln	Glu	Gln	His	Lys	100	105	110	
Pro	Glu	Pro	Lys	Asn	Pro	Glu	Ala	Gly	Ala	Ala	Ala	Ala	Thr	Asp	Ser	115	120	125	
Asn	Ile	Ser	Arg	Asn	Tyr	Pro	Leu	Val	Gln	Thr	Ala	Gln	Gly	Gln	Met	130	135	140	
Val	His	Gln	Pro	Leu	Thr	Pro	Arg	Thr	Leu	Asn	Ala	Trp	Val	Lys	Val	145	150	155	
Ile	Glu	Glu	Lys	Ala	Phe	Ser	Pro	Glu	Val	Ile	Pro	Met	Phe	Met	Ala	165	170	175	
Leu	Ser	Glu	Gly	Ala	Thr	Pro	Ser	Asp	Leu	Asn	Thr	Met	Leu	Asn	Thr	180	185	190	
Val	Gly	Gly	His	Gln	Ala	Ala	Met	Gln	Met	Leu	Lys	Glu	Val	Ile	Asn	195	200	205	
Glu	Glu	Ala	Ala	Asp	Trp	Asp	Arg	Thr	His	Pro	Val	Pro	Val	Gly	Pro	210	215	220	
Leu	Pro	Pro	Gly	Gln	Leu	Arg	Asp	Pro	Arg	Gly	Ser	Asp	Ile	Ala	Gly	225	230	235	
Thr	Thr	Ser	Thr	Leu	Ala	Glu	Gln	Val	Ala	Trp	Met	Thr	Ala	Asn	Pro	245	250	255	
Pro	Val	Pro	Val	Gly	Asp	Ile	Tyr	Arg	Arg	Trp	Ile	Val	Leu	Gly	Leu	260	265	270	
Asn	Arg	Ile	Val	Arg	Met	Tyr	Ser	Pro	Val	Ser	Ile	Leu	Glu	Ile	Lys	275	280	285	
Gln	Gly	Pro	Lys	Glu	Pro	Phe	Arg	Asp	Tyr	Val	Asp	Arg	Phe	Tyr	Lys	290	295	300	
Thr	Leu	Arg	Ala	Glu	Gln	Ala	Thr	Gln	Glu	Val	Lys	Asn	Trp	Met	Thr	305	310	315	
Glu	Thr	Leu	Leu	Val	Gln	Asn	Ala	Asn	Pro	Asp	Cys	Lys	Gln	Leu	Leu	325	330	335	

Lys	Ala	Leu	Gly 340	Pro	Gly	Ala	Thr	Leu 345	Glu	Glu	Met	Met	Thr 350	Ala	Cys
Gln	Gly	Val 355	Gly	Gly	Pro	Ala	His 360	Lys	Ala	Arg	Val	Leu 365	Ala	Glu	Ala
Met	Ser 370	Gln	Val	Gln	Gln	Pro 375	Thr	Thr	Ser	Val	Phe 380	Ala	Gln	Arg	Gly
Asn 385	Phe	Lys	Gly	Ile	Arg 390	Lys	Pro	Ile	Lys	Cys 395	Phe	Asn	Cys	Gly	Lys 400
Glu	Gly	His	Leu 405	Ala	Arg	Asn	Cys	Lys	Ala 410	Pro	Arg	Arg	Gly	Gly 415	Cys
Trp	Lys	Cys 420	Gly	Gln	Glu	Gly	His 425	Gln	Met	Lys	Asp	Cys	Lys 430	Asn	Glu
Gly	Arg	Gln 435	Ala	Asn	Phe	Leu	Gly 440	Lys	Ser	Trp	Ser	Pro 445	Phe	Lys	Gly
Arg	Pro 450	Gly	Asn	Phe	Pro	Gln 455	Thr	Thr	Thr	Arg	Lys 460	Glu	Pro	Thr	Ala
Pro 465	Pro	Leu	Glu	Ser	Tyr 470	Gly	Phe	Gln	Glu	Glu 475	Lys	Ser	Thr	Gln	Gly 480
Lys	Glu	Met	Gln	Glu	Asn 485	Gln	Glu	Arg	Thr 490	Glu	Asn	Ser	Leu	Tyr 495	Pro
Pro	Leu	Thr	Ser 500	Leu	Arg	Ser	Leu	Phe 505	Gly	Asn	Asp	Pro	Ser 510	Ser	Gln

(2) INFORMATION POUR LA SEO ID NO: 5:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 3045 paires de bases
(B) TYPE: nucléotide
(C) NOMBRE DE BRINS: simple
(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN (génomique)

(ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: CDS
(B) EMPLACEMENT: 1..3042

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 5:

TTT	TTT	AGG	GAA	GAG	CTG	GTC	TCC	CTT	CAA	AGG	GAG	ACC	AGG	AAA	CTT	48
Phe	Phe	Arg	Glu	Glu	Leu	Val	Ser	Leu	Gln	Arg	Glu	Thr	Arg	Lys	Leu	
		515					520					525				
CCC	CCA	GAC	AAC	AAC	AAG	GAA	AGA	GCC	CAC	AGC	CCC	GCC	ACT	AGA	GAG	96
Pro	Pro	Asp	Asn	Asn	Lys	Glu	Arg	Ala	His	Ser	Pro	Ala	Thr	Arg	Glu	
		530				535					540					
TTA	TGG	GTT	TCA	GGA	GGA	GAA	GAG	CAC	ACA	GGG	GAA	GGA	GAT	GCA	GGA	144
Leu	Trp	Val	Ser	Gly	Gly	Glu	Glu	His	Thr	Gly	Glu	Gly	Asp	Ala	Gly	
545					550					555					560	

GAA Glu	CCA Pro	GGA Gly	GAG Glu	GAC Asp 565	AGA Arg	GAA Glu	CTC Leu	TCT Ser	GTA Val 570	CCC Pro	ACC Thr	TTT Phe	AAC Asn 575	TTC Phe 575	CCT Pro	192
CAG Gln	ATC Ile	ACT Thr	CTT Leu 580	TGG Trp	CAA Gln	CGA Arg	CCC Pro	GTC Val 585	ATC Ile	ACA Thr	GTA Val	AAA Lys	ATA Ile 590	GGG Gly	AAA Lys	240
GAA Glu	GTA Val	AGA Arg 595	GAA Glu	GCT Ala	CTT Leu	TTA Leu	GAT Asp 600	ACA Thr	GGA Gly	GCT Ala	GAT Asp 605	GAT Asp 605	ACA Thr	GTA Val	ATA Ile	288
GAA Glu	GAG Glu 610	CTA Leu	CAA Gln	TTA Leu	GAG Glu 615	GGA Gly 615	AAA Lys 615	TGG Trp	AAA Lys	CCA Pro	AAA Lys 620	ATG Met	ATA Ile	GGA Gly	GGA Gly	336
ATT Ile 625	GGA Gly	GGA Gly	TTT Phe	ATC Ile	AAA Lys 630	GTG Val	AGA Arg	CAA Gln	TAT Tyr	GAT Asp 635	AAT Asn	ATA Ile	ACA Thr	GTA Val	GAC Asp 640	384
ATA Ile	CAG Gln	GGA Gly	AGA Arg	AAA Lys 645	GCA Ala	GTT Val	GGT Gly	ACA Thr	GTA Val 650	TTA Leu	GTA Val	GGA Gly	CCA Pro	ACA Thr	CCT Pro	432
GTT Val	AAT Asn	ATT Ile	ATA Ile 660	GGA Gly	AGA Arg	AAT Asn	CTT Leu 665	TTA Leu	ACC Thr	CAG Gln	ATT Ile	GGC Gly 670	TGT Cys	ACT Thr	TTA Leu	480
AAT Asn	TTT Phe	CCA Pro 675	ATA Ile	AGT Ser	CCT Pro	ATT Ile	GAA Glu 680	ACT Thr	GTA Val	CCA Pro	GTA Val	AAA Lys 685	TTA Leu	AAA Lys	CCA Pro	528
GGA Gly 690	ATG Met	GAT Asp	GGC Gly	CCA Pro	AAG Lys	GTA Val 695	AAA Lys	CAA Gln	TGG Trp	CCT Pro	TTG Leu 700	ACA Thr	ACA Thr	GAA Glu	AAA Lys	576
ATA Ile 705	GAG Glu	GCA Ala	TTA Leu	AGA Arg	GAA Glu 710	ATT Ile	TGT Cys	ACA Thr	GAA Glu 715	ATG Met	GAA Glu	AAG Lys	GAA Glu	GGA Gly	AAA Lys 720	624
ATT Ile	TCT Ser	AGA Arg	ATA Ile	GGG Gly 725	CCT Pro	GAG Glu	AAT Asn	CCA Pro	TAT Tyr 730	AAC Asn	ACT Thr	CCA Pro	ATT Ile	TTT Phe 735	GCT Ala	672
ATA Ile	AAA Lys	AAG Lys	AAA Lys	GAT Asp 740	AGC Ser	ACT Thr	AAA Lys	TGG Trp 745	AGA Arg	AAA Lys	TTA Leu	GTA Val	GAT Asp 750	TTC Phe	AGG Arg	720
GAA Glu	TTA Leu	AAT Asn 755	AAA Lys	AGG Arg	ACC Thr	CAA Gln	GAT Asp 760	TTT Phe	TGG Trp	GAA Glu	GTG Val	CAG Gln	CTA Leu	GGA Gly	ATT Ile	768
CCA Pro	CAT His 770	CCA Pro	GCA Ala	GGA Gly	TTA Leu	AAG Lys 775	CAG Gln	AAA Lys	AAA Lys	TCA Ser	GTG Val 780	ACA Thr	GTT Val	TTG Leu	GAT Asp	816
GTA Val 785	GGA Gly	GAT Asp	GCT Ala	TAT Tyr	TTT Phe 790	TCA Ser	TGT Cys	CCC Pro	TTG Leu	GAC Asp 795	AAA Lys	GAT Asp	TTT Phe	AGA Arg	AAG Lys 800	864
TAT Tyr	ACA Thr	GCT Ala	TTT Phe	ACC Thr 805	ATA Ile	CCT Pro	AGT Ser	ATA Ile	AAC Asn 810	AAT Asn	GAG Glu	ACA Thr	CCT Pro	GGT Gly 815	ATT Ile	912

AGA	TAC	CAG	TAT	AAT	GTG	CTG	CCA	CAA	GGC	TGG	AAA	GGG	TCA	CCA	GCA	960
Arg	Tyr	Gln	Tyr	Asn	Val	Leu	Pro	Gln	Gly	Trp	Lys	Gly	Ser	Pro	Ala	
		820						825					830			
ATT	TTT	CAG	AGT	ACA	ATG	ACA	AAA	ATT	CTA	GAA	CCA	TTC	AGA	GAG	AAA	1008
Ile	Phe	Gln	Ser	Thr	Met	Thr	Lys	Ile	Leu	Glu	Pro	Phe	Arg	Glu	Lys	
		835					840					845				
CAT	CCA	GAG	ATA	ATC	ATT	TAC	CAG	TAC	ATG	GAT	GAC	CTC	TAT	GTG	GGA	1056
His	Pro	Glu	Ile	Ile	Ile	Tyr	Gln	Tyr	Met	Asp	Asp	Leu	Tyr	Val	Gly	
	850					855					860					
TCT	GAC	TTA	GAA	CTA	GCA	CAA	CAT	AGA	GAG	GCA	GTA	GAA	GAC	CTC	AGA	1104
Ser	Asp	Leu	Glu	Leu	Ala	Gln	His	Arg	Glu	Ala	Val	Glu	Asp	Leu	Arg	
865					870					875					880	
GAT	CAT	CTT	TTG	AAG	TGG	GGC	TTT	ACG	ACC	CCT	GAC	AAA	AAA	CAT	CAG	1152
Asp	His	Leu	Leu	Lys	Trp	Gly	Phe	Thr	Thr	Pro	Asp	Lys	Lys	His	Gln	
				885					890					895		
AAG	GAG	CCC	CCG	TTC	CTC	TGG	ATG	GGA	TAT	GAA	CTC	CAT	CCA	GAC	AAA	1200
Lys	Glu	Pro	Pro	Phe	Leu	Trp	Met	Gly	Tyr	Glu	Leu	His	Pro	Asp	Lys	
			900					905					910			
TGG	ACA	GTC	CAG	CCA	ATA	AAG	TTA	CCA	GAA	AAG	GAT	GTA	TGG	ACT	GTC	1248
Trp	Thr	Val	Gln	Pro	Ile	Lys	Leu	Pro	Glu	Lys	Asp	Val	Trp	Thr	Val	
		915					920					925				
AAT	GAT	ATA	CAG	AAA	TTA	GTA	GGA	AAG	TTA	AAT	TGG	GCA	AGT	CAG	ATC	1296
Asn	Asp	Ile	Gln	Lys	Leu	Val	Gly	Lys	Leu	Asn	Trp	Ala	Ser	Gln	Ile	
	930					935					940					
TAT	CCA	GGA	ATC	AGA	GTA	AAA	CAG	CTC	TGT	AAA	TTA	ATC	AGA	GGA	GCC	1344
Tyr	Pro	Gly	Ile	Arg	Val	Lys	Gln	Leu	Cys	Lys	Leu	Ile	Arg	Gly	Ala	
945					950					955					960	
AGA	GCT	TTG	ACA	GAA	GTA	GTC	AAC	TTT	ACA	GAA	GAA	GCA	GAA	TTA	GAA	1392
Arg	Ala	Leu	Thr	Glu	Val	Val	Asn	Phe	Thr	Glu	Glu	Ala	Glu	Leu	Glu	
				965					970					975		
CTA	GCA	GAA	AAC	AGG	GAG	ATA	TTA	AAA	GAA	CCC	CTG	CAT	GGA	GTC	TAT	1440
Leu	Ala	Glu	Asn	Arg	Glu	Ile	Leu	Lys	Glu	Pro	Leu	His	Gly	Val	Tyr	
			980					985					990			
TAT	GAC	CCA	GGA	AAA	GAA	TTA	GTA	GCA	GAA	ATT	CAA	AAG	CAA	GGA	CAA	1488
Tyr	Asp	Pro	Gly	Lys	Glu	Leu	Val	Ala	Glu	Ile	Gln	Lys	Gln	Gly	Gln	
		995					1000					1005				
GGT	CAG	TGG	ACA	TAT	CAG	ATT	TAT	CAG	GAG	TTA	CAT	AAA	AAT	TTA	AAA	1536
Gly	Gln	Trp	Thr	Tyr	Gln	Ile	Tyr	Gln	Glu	Leu	His	Lys	Asn	Leu	Lys	
	1010					1015					1020					
ACA	GGA	AAG	TAT	GCA	AAA	ATG	AGA	TCT	GCC	CAT	ACT	AAT	GAT	ATA	AAA	1584
Thr	Gly	Lys	Tyr	Ala	Lys	Met	Arg	Ser	Ala	His	Thr	Asn	Asp	Ile	Lys	
1025					1030					1035				1040		
CAG	TTA	GTT	GAA	GTG	GTA	AGG	AAA	GTG	GCA	ACA	GAA	AGT	ATA	GTA	ATT	1632
Gln	Leu	Val	Glu	Val	Val	Arg	Lys	Val	Ala	Thr	Glu	Ser	Ile	Val	Ile	
				1045				1050						1055		
TGG	GGA	AAG	ACT	CCT	AAA	TTT	AGA	TTA	CCA	GTA	CAA	AAG	GAA	GTG	TGG	1680
Trp	Gly	Lys	Thr	Pro	Lys	Phe	Arg	Leu	Pro	Val	Gln	Lys	Glu	Val	Trp	
			1060					1065					1070			

GAG GCA TGG TGG ACC GAT CAT TGG CAA GCA ACT TGG ATT CCT GAG TGG Glu Ala Trp Trp Thr Asp His Trp Gln Ala Thr Trp Ile Pro Glu Trp 1075 1080 1085	1728
GAA TTT GTC AAC ACT CCT CCC CTT GTA AAA TTA TGG TAT CAG TTA GAA Glu Phe Val Asn Thr Pro Pro Leu Val Lys Leu Trp Tyr Gln Leu Glu 1090 1095 1100	1776
ACA GAG CCA ATC AGT GGG GCA GAA ACT TTC TAT GTA GAT GGA GCA GCT Thr Glu Pro Ile Ser Gly Ala Glu Thr Phe Tyr Val Asp Gly Ala Ala 1105 1110 1115 1120	1824
AAT AGG GAA ACA AAA TTG GGA AAA GCA GGT TTT GTG ACA GAT AGG GGA Asn Arg Glu Thr Lys Leu Gly Lys Ala Gly Phe Val Thr Asp Arg Gly 1125 1130 1135	1872
AGA CAG AAA GTG GTC TCT ATT GCA GAC ACC ACC AAT CAA AAG GCT GAG Arg Gln Lys Val Val Ser Ile Ala Asp Thr Thr Asn Gln Lys Ala Glu 1140 1145 1150	1920
TTA CAA GCT ATC CTT ATG GCC TTA CAA GAG TCA GGA CGG GAT GTA AAC Leu Gln Ala Ile Leu Met Ala Leu Gln Glu Ser Gly Arg Asp Val Asn 1155 1160 1165	1968
ATA GTC ACT GAC TCT CAG TAT GCT ATG GGA ATA ATT CAT TCA CAG CCA Ile Val Thr Asp Ser Gln Tyr Ala Met Gly Ile Ile His Ser Gln Pro 1170 1175 1180	2016
GAT AAA AGT GAA TCA GAA TTG GTG AGC CAA ATA ATA GAA GAG CTC ATA Asp Lys Ser Glu Ser Glu Leu Val Ser Gln Ile Ile Glu Glu Leu Ile 1185 1190 1195 1200	2064
AAA AAG GAA AGA GTT TAT CTC TCT TGG GTA CCT GCA CAT AAA GGT ATT Lys Lys Glu Arg Val Tyr Leu Ser Trp Val Pro Ala His Lys Gly Ile 1205 1210 1215	2112
GGA GGA AAT GAG CAG GTA GAC AAA TTA GTT AGC TCA GGA ATT AGA AAA Gly Gly Asn Glu Gln Val Asp Lys Leu Val Ser Ser Gly Ile Arg Lys 1220 1225 1230	2160
ATA TTA TTC CTA GAT GGT ATA GAA AAA GCC CAA GAA GAT CAT GAC AGA Ile Leu Phe Leu Asp Gly Ile Glu Lys Ala Gln Glu Asp His Asp Arg 1235 1240 1245	2208
TAT CAC AGC AAT TGG AAA GCA ATG GCC AGT GAT TTT AAC TTA CCC CCC Tyr His Ser Asn Trp Lys Ala Met Ala Ser Asp Phe Asn Leu Pro Pro 1250 1255 1260	2256
ATA GTG GCA AAA GAA ATA GTA GCC AGC TGT GAC AAA TGC CAG CTA AAA Ile Val Ala Lys Glu Ile Val Ala Ser Cys Asp Lys Cys Gln Leu Lys 1265 1270 1275 1280	2304
GGG GAA GCC ATG CAT GGA CAG GTC AAT TGT AGT CCA GGA GTG TGG CAA Gly Glu Ala Met His Gly Gln Val Asn Cys Ser Pro Gly Val Trp Gln 1285 1290 1295	2352
TTA GAT TGT ACA CAC TTA GAG GGA AAA ATC ATC CTT GTG GCG GTC CAT Leu Asp Cys Thr His Leu Glu Gly Lys Ile Ile Leu Val Ala Val His 1300 1305 1310	2400
GTG GCC AGT GGC TAC TTA GAA GCA GAA GTT ATT CCT GCA GAG ACA GGA Val Ala Ser Gly Tyr Leu Glu Ala Glu Val Ile Pro Ala Glu Thr Gly 1315 1320 1325	2448

CAG GAA ACA GCA TAT TTT ATT TTA AAG TTA GCT GGA AGA TGG CCA GTA	2496
Gln Glu Thr Ala Tyr Phe Ile Leu Lys Leu Ala Gly Arg Trp Pro Val	
1330 1335 1340	
AAA GTT ATA CAC ACT GAT AAT GGA TCC AAT TTC ACT AGT GCC ACT GTA	2544
Lys Val Ile His Thr Asp Asn Gly Ser Asn Phe Thr Ser Ala Thr Val	
1345 1350 1355 1360	
AAA GCA GCC TGT TGG TGG GCA AAT ATC AAA CAG GAA TTT GGG ATA CCC	2592
Lys Ala Ala Cys Trp Trp Ala Asn Ile Lys Gln Glu Phe Gly Ile Pro	
1365 1370 1375	
TAC AAT CCT CAA AGT CAG GGA GCA GTA GAG TCC ATG AAT AAA GAA TTA	2640
Tyr Asn Pro Gln Ser Gln Gly Ala Val Glu Ser Met Asn Lys Glu Leu	
1380 1385 1390	
AAG AAA ATT ATA GGA CAA ATC AGA GAT CAA GCA GAA CAT CTA AAG ACA	2688
Lys Lys Ile Ile Gly Gln Ile Arg Asp Gln Ala Glu His Leu Lys Thr	
1395 1400 1405	
GCA GTG CAA ATG GCG GTT TTC ATT CAC AAT TTT AAA AGA AAA GGG GGG	2736
Ala Val Gln Met Ala Val Phe Ile His Asn Phe Lys Arg Lys Gly Gly	
1410 1415 1420	
ATT GGG GGG TAC ACT GCA GGG GAA AGA ATA ATA GAC ATA ATA GCA ACA	2784
Ile Gly Gly Tyr Thr Ala Gly Glu Arg Ile Ile Asp Ile Ile Ala Thr	
1425 1430 1435 1440	
GAC ATA CAG ACA ACA AAT TTA CAA ACA CAA ATT TTA AAA GTT CAA AAT	2832
Asp Ile Gln Thr Thr Asn Leu Gln Thr Gln Ile Leu Lys Val Gln Asn	
1445 1450 1455	
TTT CGG GTT TAT TAC AGA GAC AGC AGA GAT CCC ATT TGG AAA GGA CCA	2880
Phe Arg Val Tyr Tyr Arg Asp Ser Arg Asp Pro Ile Trp Lys Gly Pro	
1460 1465 1470	
GCC AAA CTT CTG TGG AAA GGA GAA GGG GCA GTG GTA ATT CAA GAT AAC	2928
Ala Lys Leu Leu Trp Lys Gly Glu Gly Ala Val Val Ile Gln Asp Asn	
1475 1480 1485	
GGG GAT ATA AAA GTA GTC CCA CGT AGG AAA GCA AAA ATA ATT AGG GAT	2976
Gly Asp Ile Lys Val Val Pro Arg Arg Lys Ala Lys Ile Ile Arg Asp	
1490 1495 1500	
TAT GGA AAA CAG ATG GCA GGT GAT GGT TGT GTG GCA AGT GGA CAG GAT	3024
Tyr Gly Lys Gln Met Ala Gly Asp Gly Cys Val Ala Ser Gly Gln Asp	
1505 1510 1515 1520	
GAA AAT CAG GAA ATG GAA TAG	3045
Glu Asn Gln Glu Met Glu	
1525	

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 6:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 1014 acides aminés
- (B) TYPE: acide aminé
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: protéine

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 6:

Phe	Phe	Arg	Glu	Glu	Leu	Val	Ser	Leu	Gln	Arg	Glu	Thr	Arg	Lys	Leu
1				5					10					15	

Pro Pro Asp Asn Asn Lys Glu Arg Ala His Ser Pro Ala Thr Arg Glu
 20 25 30
 Leu Trp Val Ser Gly Gly Glu Glu His Thr Gly Glu Gly Asp Ala Gly
 35 40 45
 Glu Pro Gly Glu Asp Arg Glu Leu Ser Val Pro Thr Phe Asn Phe Pro
 50 55 60
 Gln Ile Thr Leu Trp Gln Arg Pro Val Ile Thr Val Lys Ile Gly Lys
 65 70 75 80
 Glu Val Arg Glu Ala Leu Leu Asp Thr Gly Ala Asp Asp Thr Val Ile
 85 90 95
 Glu Glu Leu Gln Leu Glu Gly Lys Trp Lys Pro Lys Met Ile Gly Gly
 100 105 110
 Ile Gly Gly Phe Ile Lys Val Arg Gln Tyr Asp Asn Ile Thr Val Asp
 115 120 125
 Ile Gln Gly Arg Lys Ala Val Gly Thr Val Leu Val Gly Pro Thr Pro
 130 135 140
 Val Asn Ile Ile Gly Arg Asn Leu Leu Thr Gln Ile Gly Cys Thr Leu
 145 150 155 160
 Asn Phe Pro Ile Ser Pro Ile Glu Thr Val Pro Val Lys Leu Lys Pro
 165 170 175
 Gly Met Asp Gly Pro Lys Val Lys Gln Trp Pro Leu Thr Thr Glu Lys
 180 185 190
 Ile Glu Ala Leu Arg Glu Ile Cys Thr Glu Met Glu Lys Glu Gly Lys
 195 200 205
 Ile Ser Arg Ile Gly Pro Glu Asn Pro Tyr Asn Thr Pro Ile Phe Ala
 210 215 220
 Ile Lys Lys Lys Asp Ser Thr Lys Trp Arg Lys Leu Val Asp Phe Arg
 225 230 235 240
 Glu Leu Asn Lys Arg Thr Gln Asp Phe Trp Glu Val Gln Leu Gly Ile
 245 250 255
 Pro His Pro Ala Gly Leu Lys Gln Lys Lys Ser Val Thr Val Leu Asp
 260 265 270
 Val Gly Asp Ala Tyr Phe Ser Cys Pro Leu Asp Lys Asp Phe Arg Lys
 275 280 285
 Tyr Thr Ala Phe Thr Ile Pro Ser Ile Asn Asn Glu Thr Pro Gly Ile
 290 295 300
 Arg Tyr Gln Tyr Asn Val Leu Pro Gln Gly Trp Lys Gly Ser Pro Ala
 305 310 315 320
 Ile Phe Gln Ser Thr Met Thr Lys Ile Leu Glu Pro Phe Arg Glu Lys
 325 330 335
 His Pro Glu Ile Ile Ile Tyr Gln Tyr Met Asp Asp Leu Tyr Val Gly
 340 345 350
 Ser Asp Leu Glu Leu Ala Gln His Arg Glu Ala Val Glu Asp Leu Arg
 355 360 365

Asp His Leu Leu Lys Trp Gly Phe Thr Thr Pro Asp Lys Lys His Gln
 370 375 380
 Lys Glu Pro Pro Phe Leu Trp Met Gly Tyr Glu Leu His Pro Asp Lys
 385 390 395 400
 Trp Thr Val Gln Pro Ile Lys Leu Pro Glu Lys Asp Val Trp Thr Val
 405 410 415
 Asn Asp Ile Gln Lys Leu Val Gly Lys Leu Asn Trp Ala Ser Gln Ile
 420 425 430
 Tyr Pro Gly Ile Arg Val Lys Gln Leu Cys Lys Leu Ile Arg Gly Ala
 435 440 445
 Arg Ala Leu Thr Glu Val Val Asn Phe Thr Glu Glu Ala Glu Leu Glu
 450 455 460
 Leu Ala Glu Asn Arg Glu Ile Leu Lys Glu Pro Leu His Gly Val Tyr
 465 470 475 480
 Tyr Asp Pro Gly Lys Glu Leu Val Ala Glu Ile Gln Lys Gln Gly Gln
 485 490 495
 Gly Gln Trp Thr Tyr Gln Ile Tyr Gln Glu Leu His Lys Asn Leu Lys
 500 505 510
 Thr Gly Lys Tyr Ala Lys Met Arg Ser Ala His Thr Asn Asp Ile Lys
 515 520 525
 Gln Leu Val Glu Val Val Arg Lys Val Ala Thr Glu Ser Ile Val Ile
 530 535 540
 Trp Gly Lys Thr Pro Lys Phe Arg Leu Pro Val Gln Lys Glu Val Trp
 545 550 555 560
 Glu Ala Trp Trp Thr Asp His Trp Gln Ala Thr Trp Ile Pro Glu Trp
 565 570 575
 Glu Phe Val Asn Thr Pro Pro Leu Val Lys Leu Trp Tyr Gln Leu Glu
 580 585 590
 Thr Glu Pro Ile Ser Gly Ala Glu Thr Phe Tyr Val Asp Gly Ala Ala
 595 600 605
 Asn Arg Glu Thr Lys Leu Gly Lys Ala Gly Phe Val Thr Asp Arg Gly
 610 615 620
 Arg Gln Lys Val Val Ser Ile Ala Asp Thr Thr Asn Gln Lys Ala Glu
 625 630 635 640
 Leu Gln Ala Ile Leu Met Ala Leu Gln Glu Ser Gly Arg Asp Val Asn
 645 650 655
 Ile Val Thr Asp Ser Gln Tyr Ala Met Gly Ile Ile His Ser Gln Pro
 660 665 670
 Asp Lys Ser Glu Ser Glu Leu Val Ser Gln Ile Ile Glu Glu Leu Ile
 675 680 685
 Lys Lys Glu Arg Val Tyr Leu Ser Trp Val Pro Ala His Lys Gly Ile
 690 695 700
 Gly Gly Asn Glu Gln Val Asp Lys Leu Val Ser Ser Gly Ile Arg Lys
 705 710 715 720

Ile Leu Phe Leu Asp Gly Ile Glu Lys Ala Gln Glu Asp His Asp Arg
 725 730 735
 Tyr His Ser Asn Trp Lys Ala Met Ala Ser Asp Phe Asn Leu Pro Pro
 740 745 750
 Ile Val Ala Lys Glu Ile Val Ala Ser Cys Asp Lys Cys Gln Leu Lys
 755 760 765
 Gly Glu Ala Met His Gly Gln Val Asn Cys Ser Pro Gly Val Trp Gln
 770 775 780
 Leu Asp Cys Thr His Leu Glu Gly Lys Ile Ile Leu Val Ala Val His
 785 790 795 800
 Val Ala Ser Gly Tyr Leu Glu Ala Glu Val Ile Pro Ala Glu Thr Gly
 805 810 815
 Gln Glu Thr Ala Tyr Phe Ile Leu Lys Leu Ala Gly Arg Trp Pro Val
 820 825 830
 Lys Val Ile His Thr Asp Asn Gly Ser Asn Phe Thr Ser Ala Thr Val
 835 840 845
 Lys Ala Ala Cys Trp Trp Ala Asn Ile Lys Gln Glu Phe Gly Ile Pro
 850 855 860
 Tyr Asn Pro Gln Ser Gln Gly Ala Val Glu Ser Met Asn Lys Glu Leu
 865 870 875 880
 Lys Lys Ile Ile Gly Gln Ile Arg Asp Gln Ala Glu His Leu Lys Thr
 885 890 895
 Ala Val Gln Met Ala Val Phe Ile His Asn Phe Lys Arg Lys Gly Gly
 900 905 910
 Ile Gly Gly Tyr Thr Ala Gly Glu Arg Ile Ile Asp Ile Ile Ala Thr
 915 920 925
 Asp Ile Gln Thr Thr Asn Leu Gln Thr Gln Ile Leu Lys Val Gln Asn
 930 935 940
 Phe Arg Val Tyr Tyr Arg Asp Ser Arg Asp Pro Ile Trp Lys Gly Pro
 945 950 955 960
 Ala Lys Leu Leu Trp Lys Gly Glu Gly Ala Val Val Ile Gln Asp Asn
 965 970 975
 Gly Asp Ile Lys Val Val Pro Arg Arg Lys Ala Lys Ile Ile Arg Asp
 980 985 990
 Tyr Gly Lys Gln Met Ala Gly Asp Gly Cys Val Ala Ser Gly Gln Asp
 995 1000 1005
 Glu Asn Gln Glu Met Glu
 1010

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 7:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
- (A) LONGUEUR: 579 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN (génomique)

(ix) CARACTERISTIQUE:
 (A) NOM/CLE: CDS
 (B) EMLACEMENT:1..576

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 7:

ATG GAA AAC AGA TGG CAG GTG ATG GTT GTG TGG CAA GTG GAC AGG ATG Met Glu Asn Arg Trp Gln Val Met Val Val Trp Gln Val Asp Arg Met 1015 1020 1025 1030	48
AAA ATC AGG AAA TGG AAT AGC TTA GTA AAA CAT CAT ATG TAT GTG TCA Lys Ile Arg Lys Trp Asn Ser Leu Val Lys His His Met Tyr Val Ser 1035 1040 1045	96
AAA AAG GCA AAA GGA TGG TAT TAT AGA CAT CAT TAT GAA ACA CAT CAC Lys Lys Ala Lys Gly Trp Tyr Tyr Arg His His Tyr Glu Thr His His 1050 1055 1060	144
CCA AAA ATA AGT TCA GAA GTA CAT ATC CCA GTA GGT CAG GCA AGA TTA Pro Lys Ile Ser Ser Glu Val His Ile Pro Val Gly Gln Ala Arg Leu 1065 1070 1075	192
GTG ACA GTC ACT TAT TGG GGG CTA ACA ACA GGA GAA CAG TCT TGG CAT Val Thr Val Thr Tyr Trp Gly Leu Thr Thr Gly Glu Gln Ser Trp His 1080 1085 1090	240
CTA GGA CAT GGA GTA TCC ATA GAA TGG AGA CTA AGA AAA TAC AAG ACA Leu Gly His Gly Val Ser Ile Glu Trp Arg Leu Arg Lys Tyr Lys Thr 1095 1100 1105 1110	288
CAA GTT GAT CCT GAA ATG GCA GAC AAG CTA ATA CAT CTT CAT TAT TTT Gln Val Asp Pro Glu Met Ala Asp Lys Leu Ile His Leu His Tyr Phe 1115 1120 1125	336
GAT TGT TTT ACA GCC TCT GCC ATA AGG CAA GCG GTC TTA GGG AGA CCA Asp Cys Phe Thr Ala Ser Ala Ile Arg Gln Ala Val Leu Gly Arg Pro 1130 1135 1140	384
GTA TTA CCT AGG TGT GAA TAT CCA GCA GGG CAC AAA CAG GTA GGC ACC Val Leu Pro Arg Cys Glu Tyr Pro Ala Gly His Lys Gln Val Gly Thr 1145 1150 1155	432
CTA CAA TAT CTA GCA CTA ACA GCC TGG GTG GGA GCA AAG AAG AGA AAG Leu Gln Tyr Leu Ala Leu Thr Ala Trp Val Gly Ala Lys Lys Arg Lys 1160 1165 1170	480
CCA CCC TTA CCT AGT GTG ACT AAG CTA ACA GAA GAT AGA TGG AAC GAG Pro Pro Leu Pro Ser Val Thr Lys Leu Thr Glu Asp Arg Trp Asn Glu 1175 1180 1185 1190	528
CAC CAG AAG ATG CAG GGC CAC AGA GGG AAC CCT ATA ATG AAT GGG CAC His Gln Lys Met Gln Gly His Arg Gly Asn Pro Ile Met Asn Gly His 1195 1200 1205	576
TAG	579

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 8:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 (A) LONGUEUR: 192 acides aminés
 (B) TYPE: acide aminé
 (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: protéine

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 8:

Met Glu Asn Arg Trp Gln Val Met Val Val Trp Gln Val Asp Arg Met
 1 5 10 15
 Lys Ile Arg Lys Trp Asn Ser Leu Val Lys His His Met Tyr Val Ser
 20 25 30
 Lys Lys Ala Lys Gly Trp Tyr Tyr Arg His His Tyr Glu Thr His His
 35 40 45
 Pro Lys Ile Ser Ser Glu Val His Ile Pro Val Gly Gln Ala Arg Leu
 50 55 60
 Val Thr Val Thr Tyr Trp Gly Leu Thr Thr Gly Glu Gln Ser Trp His
 65 70 75 80
 Leu Gly His Gly Val Ser Ile Glu Trp Arg Leu Arg Lys Tyr Lys Thr
 85 90 95
 Gln Val Asp Pro Glu Met Ala Asp Lys Leu Ile His Leu His Tyr Phe
 100 105 110
 Asp Cys Phe Thr Ala Ser Ala Ile Arg Gln Ala Val Leu Gly Arg Pro
 115 120 125
 Val Leu Pro Arg Cys Glu Tyr Pro Ala Gly His Lys Gln Val Gly Thr
 130 135 140
 Leu Gln Tyr Leu Ala Leu Thr Ala Trp Val Gly Ala Lys Lys Arg Lys
 145 150 155 160
 Pro Pro Leu Pro Ser Val Thr Lys Leu Thr Glu Asp Arg Trp Asn Glu
 165 170 175
 His Gln Lys Met Gln Gly His Arg Gly Asn Pro Ile Met Asn Gly His
 180 185 190

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 9:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 288 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN (génomique)

(ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: CDS
- (B) EMBLACEMENT: 1..285

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 9:

ATG GAA CGA GCA CCA GAA GAT GCA GGG CCA CAG AGG GAA CCC TAT AAT 48
 Met Glu Arg Ala Pro Glu Asp Ala Gly Pro Gln Arg Glu Pro Tyr Asn
 195 200 205
 GAA TGG GCA CTA GAA TTA TTA GAA GAA TTA AAA AAT GAA GCT GTG CGC 96
 Glu Trp Ala Leu Glu Leu Leu Glu Glu Leu Lys Asn Glu Ala Val Arg
 210 215 220

39

CAT TTT CCA AGG ATT TGG CTA CAT GGG TTA GGA CAA CAC ATC TAT AAC	144
His Phe Pro Arg Ile Trp Leu His Gly Leu Gly Gln His Ile Tyr Asn	
225 230 235 240	
ACA TAT GGA GAC ACC TGG GAG GGG GTA GAG GCA ATT ATC AGG ATA CTA	192
Thr Tyr Gly Asp Thr Trp Glu Gly Val Glu Ala Ile Ile Arg Ile Leu	
245 250 255	
CAA CAA TTA CTG TTT ATC CAT TAT AGG ATT GGC TGC CAG CAC AGC AGA	240
Gln Gln Leu Leu Phe Ile His Tyr Arg Ile Gly Cys Gln His Ser Arg	
260 265 270	
ATA GGG ATC ACT CCT CAA AGG AGA AGG AAT GGA ACC AGT AGA TCC	285
Ile Gly Ile Thr Pro Gln Arg Arg Arg Asn Gly Thr Ser Arg Ser	
275 280 285	
TAG	288

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 10:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 95 acides aminés
- (B) TYPE: acide aminé
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: protéine

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 10:

Met Glu Arg Ala Pro Glu Asp Ala Gly Pro Gln Arg Glu Pro Tyr Asn	
1 5 10 15	
Glu Trp Ala Leu Glu Leu Leu Glu Glu Leu Lys Asn Glu Ala Val Arg	
20 25 30	
His Phe Pro Arg Ile Trp Leu His Gly Leu Gly Gln His Ile Tyr Asn	
35 40 45	
Thr Tyr Gly Asp Thr Trp Glu Gly Val Glu Ala Ile Ile Arg Ile Leu	
50 55 60	
Gln Gln Leu Leu Phe Ile His Tyr Arg Ile Gly Cys Gln His Ser Arg	
65 70 75 80	
Ile Gly Ile Thr Pro Gln Arg Arg Arg Asn Gly Thr Ser Arg Ser	
85 90 95	

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 11:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 252 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN (génomique)

(ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: CDS
- (B) EMBLACEMENT: 1..249

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 11:

ATG CTG TCA TTG GGA TTC ATA GCG TTA GGA GCA GCA GTT AGC ATA GCA	48
Met Leu Ser Leu Gly Phe Ile Ala Leu Gly Ala Ala Val Ser Ile Ala	
100 105 110	
GTA ATA GTC TGG GCA TTA CTA TAT AGA GAA TAT AAG AAA ATA AAA TTG	96
Val Ile Val Trp Ala Leu Leu Tyr Arg Glu Tyr Lys Lys Ile Lys Leu	
115 120 125	
CAG GAA AAA ATA AAA CAC ATA AGA CAG AGA ATA AGA GAA AGA GAA GAA	144
Gln Glu Lys Ile Lys His Ile Arg Gln Arg Ile Arg Glu Arg Glu Glu	
130 135 140	
GAT AGT GGC AAT GAA AGT GAT GGG GAT GCA GAG TGG TTG GAT GGG GAT	192
Asp Ser Gly Asn Glu Ser Asp Gly Asp Ala Glu Trp Leu Asp Gly Asp	
145 150 155	
GAA GAG TGG TTG GTT ACT CTT CTA TCT TCT AGT AAG CTT GAT CAA GGT	240
Glu Glu Trp Leu Val Thr Leu Leu Ser Ser Ser Lys Leu Asp Gln Gly	
160 165 170 175	
AAT TGG GTC TGA	252
Asn Trp Val	

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 12:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 83 acides aminés

(B) TYPE: acide aminé

(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: protéine

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 12:

Met Leu Ser Leu Gly Phe Ile Ala Leu Gly Ala Ala Val Ser Ile Ala	
1 5 10 15	
Val Ile Val Trp Ala Leu Leu Tyr Arg Glu Tyr Lys Lys Ile Lys Leu	
20 25 30	
Gln Glu Lys Ile Lys His Ile Arg Gln Arg Ile Arg Glu Arg Glu Glu	
35 40 45	
Asp Ser Gly Asn Glu Ser Asp Gly Asp Ala Glu Trp Leu Asp Gly Asp	
50 55 60	
Glu Glu Trp Leu Val Thr Leu Leu Ser Ser Ser Lys Leu Asp Gln Gly	
65 70 75 80	
Asn Trp Val	

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 13:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 306 paires de bases

(B) TYPE: nucléotide

(C) NOMBRE DE BRINS: simple

(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN (génomique)

(ix) CARACTERISTIQUE:

(A) NOM/CLE: CDS

(B) EMPLACEMENT: 1..303

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 13:

ATG GAA CCA GTA GAT CCT AGA TTA GAG CCC TGG AAT CAT CCA GGA AGC	48
Met Glu Pro Val Asp Pro Arg Leu Glu Pro Trp Asn His Pro Gly Ser	
85 90 95	
CAA CCT AAA ACA GCT TGC AAT AAT TGC TAT TGT AAA AGA TGT TGC TAT	96
Gln Pro Lys Thr Ala Cys Asn Asn Cys Tyr Cys Lys Arg Cys Cys Tyr	
100 105 110 115	
CAC TGC TTA TAT TGC TTC ACA AAG AAA GGC TTA GGC ATC TCA TAT GGC	144
His Cys Leu Tyr Cys Phe Thr Lys Lys Gly Leu Gly Ile Ser Tyr Gly	
120 125 130	
AGG AAG AAG CGG AGT CAA CGA CGA AGA ACT CCT CAG AGC AGT AAG AGT	192
Arg Lys Lys Arg Ser Gln Arg Arg Arg Thr Pro Gln Ser Ser Lys Ser	
135 140 145	
CAT CAA GAT CTT ATA CCA GAG CAG CCC TTA TCC CAA CAG CAA GGG GAC	240
His Gln Asp Leu Ile Pro Glu Gln Pro Leu Ser Gln Gln Gln Gly Asp	
150 155 160	
CAG ACA GGC CAG AAG AAA CAG AAG GAG GCG TTG GAG AGC AAG ACA GAG	288
Gln Thr Gly Gln Lys Lys Gln Lys Glu Ala Leu Glu Ser Lys Thr Glu	
165 170 175	
GCA GAT CCG TGC GAT TAG	306
Ala Asp Pro Cys Asp	
180	

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 14:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 101 acides aminés

(B) TYPE: acide aminé

(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: protéine

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 14:

Met Glu Pro Val Asp Pro Arg Leu Glu Pro Trp Asn His Pro Gly Ser	
1 5 10 15	
Gln Pro Lys Thr Ala Cys Asn Asn Cys Tyr Cys Lys Arg Cys Cys Tyr	
20 25 30	
His Cys Leu Tyr Cys Phe Thr Lys Lys Gly Leu Gly Ile Ser Tyr Gly	
35 40 45	
Arg Lys Lys Arg Ser Gln Arg Arg Arg Thr Pro Gln Ser Ser Lys Ser	
50 55 60	
His Gln Asp Leu Ile Pro Glu Gln Pro Leu Ser Gln Gln Gln Gly Asp	
65 70 75 80	
Gln Thr Gly Gln Lys Lys Gln Lys Glu Ala Leu Glu Ser Lys Thr Glu	
85 90 95	
Ala Asp Pro Cys Asp	
100	

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 15:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 (A) LONGUEUR: 369 paires de bases
 (B) TYPE: nucléotide
 (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN (génomique)

- (ix) CARACTERISTIQUE:
 (A) NOM/CLE: CDS
 (B) EMPLACEMENT: 1..366

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 15:

ATG GCA GGA AGA AGC GGA GTC AAC GAC GAA GAA CTC CTC AGA GCA GTA	48
Met Ala Gly Arg Ser Gly Val Asn Asp Glu Glu Leu Leu Arg Ala Val	
105 110 115	
AGA GTC ATC AAG ATC TTA TAC CAG AGC AGT TAT CCC AAC AGC AAG GGG	96
Arg Val Ile Lys Ile Leu Tyr Gln Ser Ser Tyr Pro Asn Ser Lys Gly	
120 125 130	
ACC AGA CAG GCC AGA AGA AAC AGA AGG AGG CGT TGG AGA GCA AGA CAG	144
Thr Arg Gln Ala Arg Arg Asn Arg Arg Arg Arg Trp Arg Ala Arg Gln	
135 140 145	
AGG CAG ATC CGT GCG ATT AGT GAG CGG ATT CTC AGC TCT TGT CTG GGA	192
Arg Gln Ile Arg Ala Ile Ser Glu Arg Ile Leu Ser Ser Cys Leu Gly	
150 155 160 165	
GGA CCT CCG GAA CCT GTT GAT CTT CCT CTA CCA CCG CTT GAC AGA CTC	240
Gly Pro Pro Glu Pro Val Asp Leu Pro Leu Pro Pro Leu Asp Arg Leu	
170 175 180	
ACT CTT GAT ACT GAG GAG GAC TCT GGA ACT CCT GGG ACA GAG TCT CAG	288
Thr Leu Asp Thr Glu Glu Asp Ser Gly Thr Pro Gly Thr Glu Ser Gln	
185 190 195	
CAG GGG ACT GCA ACT ACT GAA TGA ACT CAG AAC ACA CTT GTG GGG AAT	336
Gln Gly Thr Ala Thr Thr Glu * Thr Gln Asn Thr Leu Val Gly Asn	
200 205 210	
ACT TGC ATA TTG GGG AAA AGA GTT AAG GGA TAG	369
Thr Cys Ile Leu Gly Lys Arg Val Lys Gly	
215 220	

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 16:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 (A) LONGUEUR: 122 acides aminés
 (B) TYPE: acide aminé
 (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: protéine

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 16:

Met Ala Gly Arg Ser Gly Val Asn Asp Glu Glu Leu Leu Arg Ala Val
1 5 10 15
Arg Val Ile Lys Ile Leu Tyr Gln Ser Ser Tyr Pro Asn Ser Lys Gly
20 25 30

Thr	Arg	Gln	Ala	Arg	Arg	Asn	Arg	Arg	Arg	Arg	Trp	Arg	Ala	Arg	Gln
		35					40					45			
Arg	Gln	Ile	Arg	Ala	Ile	Ser	Glu	Arg	Ile	Leu	Ser	Ser	Cys	Leu	Gly
	50					55					60				
Gly	Pro	Pro	Glu	Pro	Val	Asp	Leu	Pro	Leu	Pro	Pro	Leu	Asp	Arg	Leu
	65				70					75					80
Thr	Leu	Asp	Thr	Glu	Glu	Asp	Ser	Gly	Thr	Pro	Gly	Thr	Glu	Ser	Gln
				85					90					95	
Gln	Gly	Thr	Ala	Thr	Thr	Glu	*	Thr	Gln	Asn	Thr	Leu	Val	Gly	Asn
			100					105					110		
Thr	Cys	Ile	Leu	Gly	Lys	Arg	Val	Lys	Gly						
		115					120								

(2) INFORMATION POUR LA SEQ ID NO: 17:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 2559 paires de bases
(B) TYPE: nucléotide
(C) NOMBRE DE BRINS: simple
(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN (génomique)

(ix) CHARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: CDS
(B) EMPLACEMENT: 1..2556

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 17:

ATG Met	AAA Lys	GTG Val 125	ATG Met	GGG Gly	ATG Met	CAG Gln	AGT Ser 130	GGT Gly	TGG Trp	ATG Met	GGG Gly 135	ATG Met	AAG Lys	AGT Ser	GGT Gly	48
TGG Trp	TTA Leu 140	CTC Leu	TTC Phe	TAT Tyr	CTT Leu 145	CTA Leu	GTA Val	AGC Ser	TTG Leu	ATC Ile	AAG Lys 150	GTA Val	ATT Ile	GGG Gly	TCT Ser	96
GAA Glu 155	CAA Gln	CAT His	TGG Trp	GTA Val 160	ACA Thr	GTG Val	TAC Tyr	TAT Tyr	GGG Gly 165	GTA Val	CCA Pro	GTA Val	TGG Trp	AGA Arg	GAA Glu 170	144
GCA Ala	GAG Glu	ACA Thr	ACT Thr	CTT Leu 175	TTC Phe	TGT Cys	GCT Ala	TCA Ser	GAT Asp 180	GCT Ala	AAA Lys	GCC Ala	CAT His	AGT Ser 185	ACA Thr	192
GAG Glu	GCT Ala	CAC His	AAC Asn 190	ATC Ile	TGG Trp	GCC Ala	ACA Thr	CAA Gln 195	GCA Ala	TGT Cys	GTT Val	CCT Pro	ACT Thr 200	GAT Asp	CCC Pro	240
AAT Asn	CCA Pro	CAA Gln 205	GAA Glu	GTG Val	CTA Leu	TTA Leu	CCC Pro 210	AAT Asn	GTA Val	ACT Thr	GAA Glu	AAA Lys 215	TTT Phe	AAT Asn	ATG Met	288
TGG Trp	GAA Glu 220	AAT Asn	AAA Lys	ATG Met	GCA Ala	GAC Asp 225	CAA Gln 230	ATG Met	CAA Gln	GAG Glu	GAT Asp 230	ATT Ile	ATC Ile	AGT Ser	CTG Leu	336

TGG Trp 235	GAA Glu	CAG Gln	AGC Ser	TTA Leu	AAG Lys	CCC Pro	TGT Cys	GTT Val	AAA Lys	TTA Leu	ACC Thr	CCA Pro	TTA Leu	TGT Cys	GTA Val	384
ACT Thr	ATG Met	CTT Leu	TGT Cys	AAC Asn	GAT Asp	AGC Ser	TAT Tyr	GGG Gly	GAG Glu	GAA Glu	AGG Arg	AAC Asn	AAT Asn	ACA Thr	AAT Asn	432
ATG Met	ACA Thr	ACA Thr	AGA Arg	GAA Glu	CCA Pro	GAC Asp	ATA Ile	GGA Gly	TAC Tyr	AAA Lys	CAA Gln	ATG Met	AAA Lys	AAT Asn	TGC Cys	480
TCA Ser	TTC Phe	AAT Asn	GCA Ala	ACC Thr	ACT Thr	GAG Glu	CTA Leu	ACA Thr	GAT Asp	AAA Lys	AAG Lys	AAG Lys	CAA Gln	GTT Val	TAC Tyr	528
TCT Ser	CTG Leu	TTT Phe	TAT Tyr	GTA Val	GAA Glu	GAT Asp	GTA Val	GTA Val	CCA Pro	ATC Ile	AAT Asn	GCC Ala	TAT Tyr	AAT Asn	AAA Lys	576
ACA Thr	TAT Tyr	AGG Arg	CTA Leu	ATA Ile	AAT Asn	TGT Cys	AAT Asn	ACC Thr	ACA Thr	GCT Ala	GTG Val	ACA Thr	CAA Gln	GCT Ala	TGT Cys	624
CCT Pro	AAG Lys	ACT Thr	TCC Ser	TTT Phe	GAG Glu	CCA Pro	ATT Ile	CCA Pro	ATA Ile	CAT His	TAC Tyr	TGT Cys	GCA Ala	CCA Pro	CCA Pro	672
GGC Gly	TTT Phe	GCC Ala	ATT Ile	ATG Met	AAA Lys	TGT Cys	AAT Asn	GAA Glu	GGA Gly	AAC Asn	TTT Phe	AGT Ser	GGA Gly	AAT Asn	GGA Gly	720
AGC Ser	TGT Cys	ACA Thr	AAT Asn	GTG Val	AGT Ser	ACT Thr	GTA Val	CAA Gln	TGC Cys	ACA Thr	CAT His	GGA Gly	ATA Ile	AAG Lys	CCA Pro	768
GTG Val	ATA Ile	TCC Ser	ACT Thr	CAG Gln	TTA Leu	ATC Ile	CTA Leu	AAT Asn	GGA Gly	AGC Ser	TTA Leu	AAT Asn	ACA Thr	GAT Asp	GGA Gly	816
ATT Ile	GTT Val	ATT Ile	AGA Arg	AAT Asn	GAT Asp	AGT Ser	CAC His	AGT Ser	AAT Asn	CTG Leu	TTG Leu	GTG Val	CAA Gln	TGG Trp	AAT Asn	864
GAG Glu	ACA Thr	GTG Val	CCA Pro	ATA Ile	AAT Asn	TGT Cys	ACA Thr	AGG Arg	CCA Pro	GGA Gly	AAT Asn	AAT Asn	ACA Thr	GGA Gly	GGA Gly	912
CAG Gln	GTG Val	CAG Gln	ATA Ile	GGA Gly	CCT Pro	GCT Ala	ATG Met	ACA Thr	TTT Phe	TAT Tyr	AAC Asn	ATA Ile	GAA Glu	AAA Lys	ATA Ile	960
GTA Val	GGA Gly	GAC Asp	ATT Ile	AGA Arg	CAA Gln	GCA Ala	TAC Tyr	TGT Cys	AAT Asn	GTC Val	TCT Ser	AAA Lys	GAA Glu	CTA Leu	TGG Trp	1008
GAA Glu	CCA Pro	ATG Met	TGG Trp	AAT Asn	AGA Arg	ACA Thr	AGA Arg	GAG Glu	GAA Glu	ATA Ile	AAG Lys	AAA Lys	ATC Ile	CTG Leu	GGG Gly	1056
AAA Lys	AAC Asn	AAC Asn	ATA Ile	ACC Thr	TTC Phe	AGG Arg	GCT Ala	CGA Arg	GAG Glu	AGG Arg	AAT Asn	GAA Glu	GGA Gly	GAC Asp	CTA Leu	1104

GAA Glu	GTG Val	ACA Thr	CAC His	TTA Leu 495	ATG Met	TTC Phe	AAT Asn	TGT Cys	AGA Arg 500	GGA Gly	GAG Glu	TTT Phe	TTC Phe	TAT Tyr 505	TGT Cys	1152
AAC Asn	ACT Thr	TCC Ser	AAA Lys 510	TTA Leu	TTT Phe	AAT Asn	GAG Glu 515	GAA Glu 515	TTA Leu	CTT Leu	AAC Asn	GAG Glu	ACA Thr 520	GGT Gly	GAG Glu	1200
CCT Pro	ATT Ile	ACT Thr 525	CTG Leu	CCT Pro	TGT Cys	AGA Arg	ATA Ile 530	AGA Arg	CAG Gln	ATT Ile	GTA Val	AAT Asn 535	TTG Leu	TGG Trp	ACA Thr	1248
AGG Arg	GTA Val 540	GGA Gly	AAA Lys	GGA Gly	ATT Ile 545	TAT Tyr 545	GCA Ala	CCA Pro	CCA Pro	ATT Ile	CGG Arg 550	GGA Gly	GTT Val	CTT Leu	AAC Asn	1296
TGT Cys 555	ACC Thr	TCC Ser	AAT Asn	ATT Ile	ACT Thr 560	GGA Gly	CTG Leu	GTT Val	CTA Leu	GAA Glu 565	TAT Tyr	AGT Ser	GGT Gly	GGG Gly	CCT Pro 570	1344
GAC Asp	ACC Thr	AAG Lys	GAA Glu 575	ACA Thr	ATA Ile	GTA Val	TAT Tyr	CCC Pro	TCA Ser 580	GGA Gly	GGA Gly	AAC Asn	ATG Met	GTT Val 585	AAT Asn	1392
CTC Leu	TGG Trp	AGA Arg	CAA Gln 590	GAG Glu	TTG Leu	TAT Tyr	AAG Lys 595	TAC Tyr 595	AAA Lys	GTA Val	GTT Val	AGC Ser	ATA Ile 600	GAA Glu	CCC Pro	1440
ATA Ile	GGA Gly 605	GTA Val	GCA Ala	CCA Pro	GGT Gly	AAA Lys 610	GCT Ala	AAA Lys	AGA Arg	CGC Arg	ACA Thr	GTG Val 615	AGT Ser	AGA Arg	GAA Glu	1488
AAA Lys 620	AGA Arg	GCA Ala	GCC Ala	TTT Phe	GGA Gly	CTA Leu 625	GGT Gly	GCG Ala	CTG Leu	TTT Phe	CTT Leu 630	GGG Gly	TTT Phe	CTT Leu	GGA Gly	1536
GCA Ala 635	GCA Ala	GGG Gly	AGC Ser	ACT Thr 640	ATG Met	GGC Gly	GCA Ala	GCG Ala	TCA Ser 645	ATA Ile	ACG Thr	CTG Leu	ACG Thr	GTA Val	CAG Gln 650	1584
GCC Ala	CGG Arg	ACA Thr	TTA Leu 655	TTA Leu	TCT Ser	GGG Gly	ATA Ile	GTG Val	CAA Gln 660	CAG Gln	CAG Gln	AAT Asn	ATT Ile	CTG Leu 665	TTG Leu	1632
AGA Arg	GCA Ala	ATA Ile	GAG Glu 670	GCG Ala	CAA Gln	CAA Gln	CAT His	TTG Leu 675	TTG Leu	CAA Gln	CTC Leu	TCA Ser	ATC Ile 680	TGG Trp	GGC Gly	1680
ATT Ile	AAA Lys	CAG Gln 685	CTC Leu	CAG Gln	GCA Ala	AAA Lys	GTC Val 690	CTT Leu	GCT Ala	ATA Ile	GAA Glu	AGA Arg 695	TAC Tyr	CTT Leu	AGG Arg	1728
GAT Asp 700	CAG Gln	CAA Gln	ATC Ile	CTA Leu	AGT Ser	CTA Leu 705	TGG Trp	GGC Gly	TGC Cys	TCA Ser	GGA Gly 710	AAA Lys	ACA Thr	ATA Ile	TGC Cys	1776
TAT Tyr 715	ACC Thr	ACT Thr	GTG Val	CCT Pro	TGG Trp 720	AAT Asn	GAG Glu	ACT Thr	TGG Trp	AGC Ser 725	AAC Asn	AAT Asn	ACC Thr	TCT Ser	TAT Tyr 730	1824
GAT Asp	ACA Thr	ATC Ile	TGG Trp	AAT Asn 735	AAT Asn	TTA Leu	ACC Thr	TGG Trp	CAA Gln 740	CAA Gln	TGG Trp	GAT Asp	GAG Glu	AAA Lys 745	GTA Val	1872

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 18:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 852 acides aminés

(B) TYPE: acide aminé

(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: protéine

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 18:

Met	Lys	Val	Met	Gly	Met	Gln	Ser	Gly	Trp	Met	Gly	Met	Lys	Ser	Gly	1	5	10	15
Trp	Leu	Leu	Phe	Tyr	Leu	Leu	Val	Ser	Leu	Ile	Lys	Val	Ile	Gly	Ser	20	25	30	
Glu	Gln	His	Trp	Val	Thr	Val	Tyr	Tyr	Gly	Val	Pro	Val	Trp	Arg	Glu	35	40	45	
Ala	Glu	Thr	Thr	Leu	Phe	Cys	Ala	Ser	Asp	Ala	Lys	Ala	His	Ser	Thr	50	55	60	
Glu	Ala	His	Asn	Ile	Trp	Ala	Thr	Gln	Ala	Cys	Val	Pro	Thr	Asp	Pro	65	70	75	80
Asn	Pro	Gln	Glu	Val	Leu	Leu	Pro	Asn	Val	Thr	Glu	Lys	Phe	Asn	Met	85	90	95	
Trp	Glu	Asn	Lys	Met	Ala	Asp	Gln	Met	Gln	Glu	Asp	Ile	Ile	Ser	Leu	100	105	110	
Trp	Glu	Gln	Ser	Leu	Lys	Pro	Cys	Val	Lys	Leu	Thr	Pro	Leu	Cys	Val	115	120	125	
Thr	Met	Leu	Cys	Asn	Asp	Ser	Tyr	Gly	Glu	Glu	Arg	Asn	Asn	Thr	Asn	130	135	140	
Met	Thr	Thr	Arg	Glu	Pro	Asp	Ile	Gly	Tyr	Lys	Gln	Met	Lys	Asn	Cys	145	150	155	160
Ser	Phe	Asn	Ala	Thr	Thr	Glu	Leu	Thr	Asp	Lys	Lys	Lys	Gln	Val	Tyr	165	170	175	
Ser	Leu	Phe	Tyr	Val	Glu	Asp	Val	Val	Pro	Ile	Asn	Ala	Tyr	Asn	Lys	180	185	190	
Thr	Tyr	Arg	Leu	Ile	Asn	Cys	Asn	Thr	Thr	Ala	Val	Thr	Gln	Ala	Cys	195	200	205	
Pro	Lys	Thr	Ser	Phe	Glu	Pro	Ile	Pro	Ile	His	Tyr	Cys	Ala	Pro	Pro	210	215	220	
Gly	Phe	Ala	Ile	Met	Lys	Cys	Asn	Glu	Gly	Asn	Phe	Ser	Gly	Asn	Gly	225	230	235	240
Ser	Cys	Thr	Asn	Val	Ser	Thr	Val	Gln	Cys	Thr	His	Gly	Ile	Lys	Pro	245	250	255	
Val	Ile	Ser	Thr	Gln	Leu	Ile	Leu	Asn	Gly	Ser	Leu	Asn	Thr	Asp	Gly	260	265	270	
Ile	Val	Ile	Arg	Asn	Asp	Ser	His	Ser	Asn	Leu	Leu	Val	Gln	Trp	Asn	275	280	285	
Glu	Thr	Val	Pro	Ile	Asn	Cys	Thr	Arg	Pro	Gly	Asn	Asn	Thr	Gly	Gly	290	295	300	

Gln Val Gln Ile Gly Pro Ala Met Thr Phe Tyr Asn Ile Glu Lys Ile
 305 310 315 320
 Val Gly Asp Ile Arg Gln Ala Tyr Cys Asn Val Ser Lys Glu Leu Trp
 325 330 335
 Glu Pro Met Trp Asn Arg Thr Arg Glu Glu Ile Lys Lys Ile Leu Gly
 340 345 350
 Lys Asn Asn Ile Thr Phe Arg Ala Arg Glu Arg Asn Glu Gly Asp Leu
 355 360 365
 Glu Val Thr His Leu Met Phe Asn Cys Arg Gly Glu Phe Phe Tyr Cys
 370 375 380
 Asn Thr Ser Lys Leu Phe Asn Glu Glu Leu Leu Asn Glu Thr Gly Glu
 385 390 395 400
 Pro Ile Thr Leu Pro Cys Arg Ile Arg Gln Ile Val Asn Leu Trp Thr
 405 410 415
 Arg Val Gly Lys Gly Ile Tyr Ala Pro Pro Ile Arg Gly Val Leu Asn
 420 425 430
 Cys Thr Ser Asn Ile Thr Gly Leu Val Leu Glu Tyr Ser Gly Gly Pro
 435 440 445
 Asp Thr Lys Glu Thr Ile Val Tyr Pro Ser Gly Gly Asn Met Val Asn
 450 455 460
 Leu Trp Arg Gln Glu Leu Tyr Lys Tyr Lys Val Val Ser Ile Glu Pro
 465 470 475 480
 Ile Gly Val Ala Pro Gly Lys Ala Lys Arg Arg Thr Val Ser Arg Glu
 485 490 495
 Lys Arg Ala Ala Phe Gly Leu Gly Ala Leu Phe Leu Gly Phe Leu Gly
 500 505 510
 Ala Ala Gly Ser Thr Met Gly Ala Ala Ser Ile Thr Leu Thr Val Gln
 515 520 525
 Ala Arg Thr Leu Leu Ser Gly Ile Val Gln Gln Gln Asn Ile Leu Leu
 530 535 540
 Arg Ala Ile Glu Ala Gln Gln His Leu Leu Gln Leu Ser Ile Trp Gly
 545 550 555 560
 Ile Lys Gln Leu Gln Ala Lys Val Leu Ala Ile Glu Arg Tyr Leu Arg
 565 570 575
 Asp Gln Gln Ile Leu Ser Leu Trp Gly Cys Ser Gly Lys Thr Ile Cys
 580 585 590
 Tyr Thr Thr Val Pro Trp Asn Glu Thr Trp Ser Asn Asn Thr Ser Tyr
 595 600 605
 Asp Thr Ile Trp Asn Asn Leu Thr Trp Gln Gln Trp Asp Glu Lys Val
 610 615 620
 Arg Asn Tyr Ser Gly Val Ile Phe Gly Leu Ile Glu Gln Ala Gln Glu
 625 630 635 640
 Gln Gln Asn Thr Asn Glu Lys Ser Leu Leu Glu Leu Asp Gln Trp Asp
 645 650 655

Ser Leu Trp Ser Trp Phe Gly Ile Thr Lys Trp Leu Trp Tyr Ile Lys
660 665 670

Ile Ala Ile Met Ile Val Ala Gly Ile Val Gly Ile Arg Ile Ile Ser
675 680 685

Ile Val Ile Thr Ile Ile Ala Arg Val Arg Gln Gly Tyr Ser Pro Leu
690 695 700

Ser Leu Gln Thr Leu Ile Pro Thr Ala Arg Gly Pro Asp Arg Pro Glu
705 710 715 720

Glu Thr Glu Gly Gly Val Gly Glu Gln Asp Arg Gly Arg Ser Val Arg
725 730 735

Leu Val Ser Gly Phe Ser Ala Leu Val Trp Glu Asp Leu Arg Asn Leu
740 745 750

Leu Ile Phe Leu Tyr His Arg Leu Thr Asp Ser Leu Leu Ile Leu Arg
755 760 765

Arg Thr Leu Glu Leu Leu Gly Gln Ser Leu Ser Arg Gly Leu Gln Leu
770 775 780

Leu Asn Glu Leu Arg Thr His Leu Trp Gly Ile Leu Ala Tyr Trp Gly
785 790 795 800

Lys Glu Leu Arg Asp Ser Ala Ile Ser Leu Leu Asn Thr Thr Ala Ile
805 810 815

Val Val Ala Glu Gly Thr Asp Arg Ile Ile Glu Leu Ala Gln Arg Ile
820 825 830

Gly Arg Gly Ile Leu His Ile Pro Arg Arg Ile Arg Gln Gly Leu Glu
835 840 845

Arg Ala Leu Ile
850

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 19:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 639 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN (génomique)

(ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: CDS
- (B) EMPLACEMENT: 1..636

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 19:

ATG GGA AAG ATT TGG TCA AAG AGC AGC CTA GTA GGA TGG CCA GAA ATC	48
Met Gly Lys Ile Trp Ser Lys Ser Ser Leu Val Gly Trp Pro Glu Ile	
855 860 865	
AGA GAA AGA ATG AGA AGA CAA ACG CAA GAA CCA GCA GTA GAG CCA GCA	96
Arg Glu Arg Met Arg Arg Gln Thr Gln Glu Pro Ala Val Glu Pro Ala	
870 875 880	

GTA GGA GCA GGA GCA GCT TCT CAA GAT CTA GCT AAT CGA GGG GCC ATC	144
Val Gly Ala Gly Ala Ala Ser Gln Asp Leu Ala Asn Arg Gly Ala Ile	
885 890 895 900	
ACC ATA AGA AAT ACT AGA GAC AAT AAT GAA AGT ATA GCT TGG CTA GAA	192
Thr Ile Arg Asn Thr Arg Asp Asn Asn Glu Ser Ile Ala Trp Leu Glu	
905 910 915	
GCA CAA GAA GAA GAA GAG GAA GTA GGC TTT CCA GTA CGC CCT CAG GTA	240
Ala Gln Glu Glu Glu Glu Glu Val Gly Phe Pro Val Arg Pro Gln Val	
920 925 930	
CCA TTA AGG CCA ATA ACC TAT AAA CAG GCT TTT GAT CTT TCC TTC TTT	288
Pro Leu Arg Pro Ile Thr Tyr Lys Gln Ala Phe Asp Leu Ser Phe Phe	
935 940 945	
TTA AAA GAT AAG GGG GGA CTG GAA GGG CTA GTT TGG TCC AGA AAA AGG	336
Leu Lys Asp Lys Gly Gly Leu Glu Gly Leu Val Trp Ser Arg Lys Arg	
950 955 960	
CAA GAT ATT CTA GAC CTC TGG ATG TAT CAC ACA CAA GGC ATC CTC CCT	384
Gln Asp Ile Leu Asp Leu Trp Met Tyr His Thr Gln Gly Ile Leu Pro	
965 970 975 980	
GAC TGG CAT AAC TAC ACA CCA GGG CCA GGA ATT AGA TAC CCC GTA ACC	432
Asp Trp His Asn Tyr Thr Pro Gly Pro Gly Ile Arg Tyr Pro Val Thr	
985 990 995	
TTT GGA TGG TGC TTC AAA CTA GTA CCA TTG TCA GCT GAA GAA GTA GAA	480
Phe Gly Trp Cys Phe Lys Leu Val Pro Leu Ser Ala Glu Glu Val Glu	
1000 1005 1010	
GAG GCT AAT GAA GGA GAC AAC AAT GCC CTC TTA CAC CCC ATA TGT CAA	528
Glu Ala Asn Glu Gly Asp Asn Asn Ala Leu Leu His Pro Ile Cys Gln	
1015 1020 1025	
CAT GGA GCA GAT GAT GAT CAT AAA GAA GTG TTG GTG TGG CGA TTT GAC	576
His Gly Ala Asp Asp Asp His Lys Glu Val Leu Val Trp Arg Phe Asp	
1030 1035 1040	
AGC TCC CTA GCA AGA AGA CAT GTA GCA AGA GAG CTG CAT CCG GAG TTT	624
Ser Ser Leu Ala Arg Arg His Val Ala Arg Glu Leu His Pro Glu Phe	
1045 1050 1055 1060	
TAC AAG AAC TGC TGA	639
Tyr Lys Asn Cys	

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 20:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 212 acides aminés
- (B) TYPE: acide aminé
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: protéine

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 20:

Met Gly Lys Ile Trp Ser Lys Ser Ser Leu Val Gly Trp Pro Glu Ile
1 5 10 15

Arg Glu Arg Met Arg Arg Gln Thr Gln Glu Pro Ala Val Glu Pro Ala
20 25 30

51

Val Gly Ala Gly Ala Ala Ser Gln Asp Leu Ala Asn Arg Gly Ala Ile
 35 40 45

Thr Ile Arg Asn Thr Arg Asp Asn Asn Glu Ser Ile Ala Trp Leu Glu
 50 55 60

Ala Gln Glu Glu Glu Glu Glu Val Gly Phe Pro Val Arg Pro Gln Val
 65 70 75 80

Pro Leu Arg Pro Ile Thr Tyr Lys Gln Ala Phe Asp Leu Ser Phe Phe
 85 90 95

Leu Lys Asp Lys Gly Gly Leu Glu Gly Leu Val Trp Ser Arg Lys Arg
 100 105 110

Gln Asp Ile Leu Asp Leu Trp Met Tyr His Thr Gln Gly Ile Leu Pro
 115 120 125

Asp Trp His Asn Tyr Thr Pro Gly Pro Gly Ile Arg Tyr Pro Val Thr
 130 135 140

Phe Gly Trp Cys Phe Lys Leu Val Pro Leu Ser Ala Glu Glu Val Glu
 145 150 155 160

Glu Ala Asn Glu Gly Asp Asn Asn Ala Leu Leu His Pro Ile Cys Gln
 165 170 175

His Gly Ala Asp Asp Asp His Lys Glu Val Leu Val Trp Arg Phe Asp
 180 185 190

Ser Ser Leu Ala Arg Arg His Val Ala Arg Glu Leu His Pro Glu Phe
 195 200 205

Tyr Lys Asn Cys
 210

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 21:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 20 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

- (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 21:

ATTGCGTACT CAACTTCCG

20

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 22:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 17 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

- (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 22:

GGCAAGCAGG GAGCTGG

17

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 23:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 18 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

(A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 23:

TCCTTGAGCA GTCTGGAC

18

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 24:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 18 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

(A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 24:

GAACAGGAGG ATTAGCAG

18

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 25:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 18 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

(A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 25:

AGCAGAGGCT ATGTCACA

18

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 26:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 19 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

(A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 26:

TGTAAGGCCCTAGAGAG

19

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 27:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 18 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

- (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 27:

ACAGAGAACT CTCTGTAC

18

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 28:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 18 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

- (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 28:

AAGAAAAGCA GTTGGTAC

18

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 29:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 17 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

- (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 29:

TTTCTTCCCT GTATGTC

17

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 30:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 18 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

- (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 30:

GTTATATGGA TTCTCAGG

18

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 31:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 19 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

- (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 31:

TGGCAGCACCA TTATACTGG

19

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 32:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 23 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

- (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 32:

ATCATTTACC AGTACATGGA CGA

23

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 33:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 18 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

- (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 33:

TGTCAGGGGT CGTAAAGC

18

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 34:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 18 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

- (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 34:

TCCTCTGGAT GGGATATG

18

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 35:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 18 paires de bases

- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

- (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 35:

TCTATCCAGG AATCAGAG

18

- (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 36:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 18 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

- (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 36:

AATGAGATCT GCCCATAC

18

- (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 37:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 18 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

- (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 37:

TGACAGATAG GGAAGAC

18

- (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 38:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 18 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

- (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 38:

AACCGCCATT TGCACTGC

18

- (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 39:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 18 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

- (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 39:

ACATGGACCG CCACAAGG

18

- (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 40:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 18 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

- (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 40:

AGCAACAGAC ATACAGAC

18

- (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 41:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 18 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

- (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 41:

AAAGTAGTCC CACGTAGG

18

- (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 42:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 18 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

- (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 42:

ATATCCCAGT AGGTCAGG

18

- (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 43:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 18 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 43:

TCTAGCACTA ACAGCCTG

18

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 44:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 18 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

(A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 44:

ACTCTTACTG CTCTGAGG

18

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 45:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 18 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

(A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 45:

CCATAGTACA CTGTTACC

18

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 46:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 20 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

(A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 46:

CATAGCTATC GTTACAAAGC

20

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 47:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 18 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

(A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 47:

TCATAATGGC AAAGCCTG

18

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 48:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 18 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

(A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 48:

CTATTCCACA TTGGTTCC

18

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 49:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 18 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

(A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 49:

ATTCTAGAAC CAGTCCAG

18

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 50:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 20 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

(A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 50:

CCTTAGGGAT CAGCAAATCC

20

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 51:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 18 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

(A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 51:

TGGGACAGTC TGTGGAGC

18

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 52:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 18 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

(A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 52:

TTCTCAGCTC TTGTCTGG

18

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 53:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 18 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

(A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 53:

ATTAAGCAAG CTGATAGC

18

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 54:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 16 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

(A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 54:

TGTGCTTCTA GCCAAG

16

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 55:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 18 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

(A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 55:

GCTCCATGTT GACATATG

18

60

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 56:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 18 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

- (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 56:

AGAGAGACCC AGTACAAG

18

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 57:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 20 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

- (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 57:

ATAAAAGCAG CCGCTTCTCG

20

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 58:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 35 acides aminés
- (B) TYPE: acide aminé
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: peptide

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 58:

Cys	Thr	Arg	Pro	Gly	Asn	Asn	Thr	Gly	Gly	Gln	Val	Gln	Ile	Gly	Pro
1				5				10						15	

Ala	Met	Thr	Phe	Tyr	Asn	Ile	Glu	Lys	Ile	Val	Gly	Asp	Ile	Arg	Gln
			20					25					30		

Ala	Tyr	Cys
		35

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 59:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 35 acides aminés
- (B) TYPE: acide aminé
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: peptide

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 59:

Cys	His	Arg	Pro	Gly	Asn	Asn	Thr	Arg	Gly	Glu	Val	Gln	Ile	Gly	Pro
1				5				10						15	

Gly Met Thr Phe Tyr Asn Ile Glu Asn Val Tyr Gly Asp Thr Arg Ser
 20 25 30

Ala Tyr Cys
 35

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 60:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 35 acides aminés
- (B) TYPE: acide aminé
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: peptide

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 60:

Cys Ile Arg Pro Gly Asn Arg Thr Tyr Arg Asn Leu Gln Ile Gly Pro
 1 5 10 15

Gly Met Thr Phe Tyr Asn Val Glu Ile Ala Thr Gly Asp Ile Arg Lys
 20 25 30

Ala Phe Cys
 35

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 61:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 35 acides aminés
- (B) TYPE: acide aminé
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: peptide

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 61:

Cys Thr Arg Pro Asn Asn Asn Thr Arg Lys Ser Val Arg Ile Gly Pro
 1 5 10 15

Gly Gln Ala Phe Tyr Ala Thr Gly Asp Ile Ile Gly Asp Ile Arg Gln
 20 25 30

Ala His Cys
 35

MICRO-ORGANISMES	
Feuille facultative relative au micro-organisme mentionné en page ... 3 ... , ligne ... 9 ... de la description :	
A. IDENTIFICATION DU DÉPÔT :	
D'autres dépôts sont identifiés sur une feuille supplémentaire : <input type="checkbox"/>	
Nom de l'institution de dépôt :	
Collection Nationale de Cultures de Microorganismes	
Adresse de l'institution de dépôt (y compris le code postal et le pays) :	
28 rue du Docteur Roux, 75724 PARIS CEDEX 15	
Date du dépôt :	N° d'ordre :
2 juillet 1996	I-1753
B. INDICATIONS SUPPLÉMENTAIRES : (à ne remplir que si nécessaire). Une feuille séparée est jointe pour la suite de ces renseignements <input type="checkbox"/>	
<p>"En ce qui concerne les désignations dans lesquelles un brevet européen est demandé, un échantillon du micro-organisme déposé ne sera accessible, jusqu'à la publication de la mention de la délivrance du brevet européen ou jusqu'à la date à laquelle la demande sera rejetée, retirée ou réputée retirée, que par la remise d'un échantillon à un expert désigné par le requérant. (règle 28.4) de la CBE)".</p>	
C. ÉTATS DÉSIGNÉS POUR LESQUELS LES INDICATIONS SONT DONNÉES : (si les indications ne sont pas données pour tous les États désignés)	
TOUS LES PAYS PARTIES AU PCT	
D. INDICATIONS FOURNIES SÉPARÉMENT : (à ne remplir que si nécessaire)	
<p>Les indications énumérées ci-après seront soumises ultérieurement au Bureau international : (spécifier la nature générale des indications p. ex., « No d'ordre du dépôt »)</p>	
E. <input type="checkbox"/> La présente feuille a été reçue avec la demande internationale lorsque celle-ci a été déposée (à vérifier par l'office récepteur)	
<p>.....</p> <p>(Fonctionnaire autorisé)</p>	
<input type="checkbox"/> Date de réception (en provenance du déposant) par le Bureau international :	
<p>.....</p> <p>(Fonctionnaire autorisé)</p>	

REVENDEICATIONS

1°) Souche de VIH-1 non-M non-O, présentant les caractéristiques morphologiques et immunologiques du rétrovirus déposés à la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes tenue par l'Institut Pasteur sous le numéro I-1753
5 (dénommé YBF30) le 2 juillet 1996.

2°) Séquences d'acide nucléique, caractérisées en ce qu'elles sont issues de la souche selon la revendication 1.

3°) Séquence d'acide nucléique selon la revendication 2, caractérisée en ce qu'elle est sélectionnée dans le groupe constitué par les séquences suivantes : la
10 séquence nucléotidique complète de la souche selon la revendication 1 (SEQ ID N°1) ainsi que des fragments d'acide nucléique, issus de ladite souche : (SEQ ID N°2), (SEQ ID N°3), (SEQ ID N°5), (SEQ ID N°7), (SEQ ID N°9), (SEQ ID N°11), (SEQ ID N°13), (SEQ ID N°15), (SEQ ID N°17), (SEQ ID N°19) et les SEQ ID N°21-57, ainsi que toute séquence, qui n'est pas identique à l'une des séquences nucléotidiques
15 ci-dessus ou n'est pas complémentaire de l'une de ces séquences, mais est néanmoins susceptible de s'hybrider avec une séquence nucléique issue d'un virus VIH-1 non-M, non-O.

4°) Oligonucléotide, caractérisé en ce qu'il est sélectionné parmi les séquences SEQ ID N°21 à 57 et en ce qu'il est apte à servir d'amorce et/ou de sonde
20 pour la détection d'un VIH-1 selon la revendication 1 ou la revendication 5.

5°) VIH-1, caractérisés en ce qu'ils sont distincts à la fois du groupe M et du groupe O et présentent les caractéristiques suivantes :

* peu ou pas de réactivité sérologique vis-à-vis des protéines des groupes M et O et forte réactivité sérologique vis-à-vis des protéines issues de la
25 souche YBF30 selon la revendication 1 ou de la souche SIV CPZGAB ;

* absence d'amplification génomique à l'aide des amorces des régions *env* et *gag* des VIH-1 des groupes M et O ;

* amplification génomique en présence des amorces issues de la souche YBF30, selon la revendication 4 ; et

30 * homologie des produits du gène d'enveloppe supérieure à 70 % vis-à-vis de la souche YBF30.

9°) Compositions immunogènes comprenant un ou plusieurs produits de traduction des séquences nucléotidiques selon la revendication 3 et/ou l'un des peptides selon la revendication 7 ou la revendication 8.

5 10°) Anticorps dirigés contre l'un ou plusieurs des peptides selon la revendication 7 ou la revendication 8.

11°) Méthode de diagnostic *in vitro* d'un VIH-1 non-M non-O, caractérisée en ce qu'elle comprend la mise en contact d'un échantillon biologique prélevé chez un patient, avec des anticorps selon la revendication 10, éventuellement associés à des anticorps anti-SIV CPZGAB et la détection des complexes immuno-
10 logiques formés entre les antigènes de VIH-1, éventuellement présents dans l'échantillon biologique et lesdits anticorps.

12°) Réactif de diagnostic d'un VIH-1 non-M non-O, caractérisé en ce qu'il comprend une séquence selon l'une quelconque des revendications 3, 4, 7 ou 8.

15 13°) Procédé de criblage et de typage d'un VIH-1 non-M non-O, caractérisé en ce qu'il comprend la mise en contact de l'un quelconque des fragments nucléotidiques selon la revendication 3 ou la revendication 4 avec l'acide nucléique du virus à typer et la détection de l'hybride formé.

20 14°) Trousse de diagnostic de VIH-1 non-M non-O, caractérisée en ce qu'elle inclut au moins un réactif selon la revendication 12.

1/20

YLG	<i>ltr</i>	A T T G C G T A C T C A C A C T T C C G
LPBS.1	<i>ltr</i>	G G C A A G C A G G G A G C T G G
GAG Y	<i>ltr</i>	T C C T T G A G C A G T C T G G A C
AS1.1		
GAG Y	<i>gag</i>	G A A C A G G A G G A T T A G C A G
AS1		
Gag 6	<i>gag</i>	A G C A G A G G C T A T G T C A C A
GAG Y S1	<i>gag</i>	T G T A A G G C C C C T A G A A G A G
GAG Y	<i>gag</i>	A C A G A G A A C T C T C T G T A C
S1.1		
GAG Y	<i>gag</i>	A A G A A A A G C A G T T G G T A C
S1.2		
YRT AS	<i>pol</i>	T T T C T T C C C T G T A T G T C
1.3		
YRT AS1.2	<i>pol</i>	G T T A T A T G G A T T C T C A G G
YRT AS1.1	<i>pol</i>	T G G C A G C A C A T T A T A C T G G
YRT2	<i>pol</i>	A T C A T T T A C C A G T A C A T G G A C G A
YRT AS1	<i>pol</i>	T G T C A G G G G T C G T A A A G C
YRT2-1	<i>pol</i>	T C C T C T G G A T G G G A T A T G
YRT2-2	<i>pol</i>	T C T A T C C A G G A A T C A G A G
YRT-3	<i>pol</i>	A A T G A G A T C T G C C C A T A C
YRT2-4	<i>pol</i>	T G A C A G A T A G G G G A A G A C
4481-1	<i>pol</i>	A A C C G C C A T T T G C A C T G C
4481-2	<i>pol</i>	A C A T G G A C C G C C A C A A G G
4235.1	<i>pol</i>	A G C A A C A G A C A T A C A G A C
4235.2	<i>vif</i>	A A A G T A G T C C C A C G T A G G
4235.3	<i>tat</i>	A T A T C C C A G T A G G T C A G G
4235.4	<i>tat</i>	T C T A G C A C T A A C A G C C T G
SK69.6	<i>env</i>	A C T C T T A C T G C T C T G A G G
SK69.5	<i>env</i>	C C A T A G T A C A C T G T T A C C
SK69.4	<i>env</i>	C A T A G C T A T C G T T A C A A A G C
SK69.3	<i>env</i>	T C A T A A T G G C A A A G C C T G
SK69.2	<i>env</i>	C T A T T C C A C A T T G G T T C C
SK69.1	<i>env</i>	A T T C T A G A A C C A G T C C A G
SK68.1	<i>env</i>	C C T T A G G G A T C A G C A A A T C C
SK68.2	<i>env</i>	T G G G A C A G T C T G T G G A G C
SK68.3	<i>env</i>	T T C T C A G C T C T T G T C T G G
LSI AS1.3	<i>nef</i>	A T T A A G C A A G C T G A T A G C
LSI AS1.2	<i>nef</i>	T G T G C T T C T A G C C A A G
LSI AS 1.1	<i>ltr</i>	G C T C C A T G T T G A C A T A T G
LSI A1	<i>ltr</i>	A G A G A G A C C C A G T A C A A G
YLPA	<i>ltr</i>	A T A A A A G C A G C C G C T T C T C G

FIGURE 1

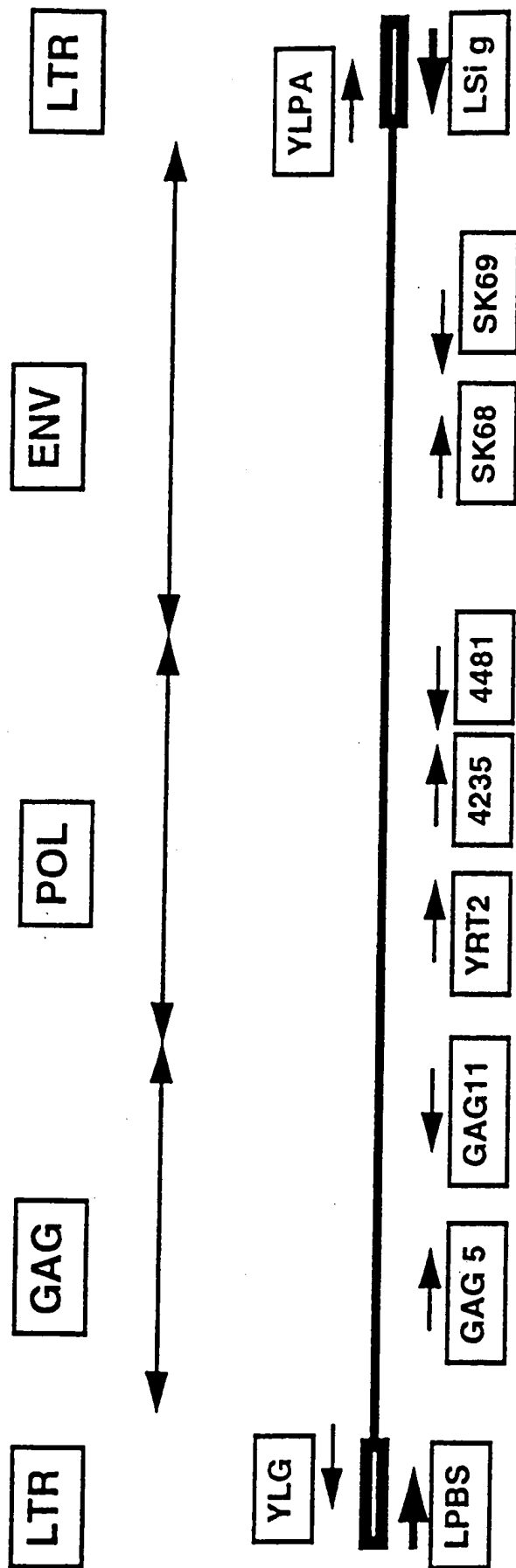
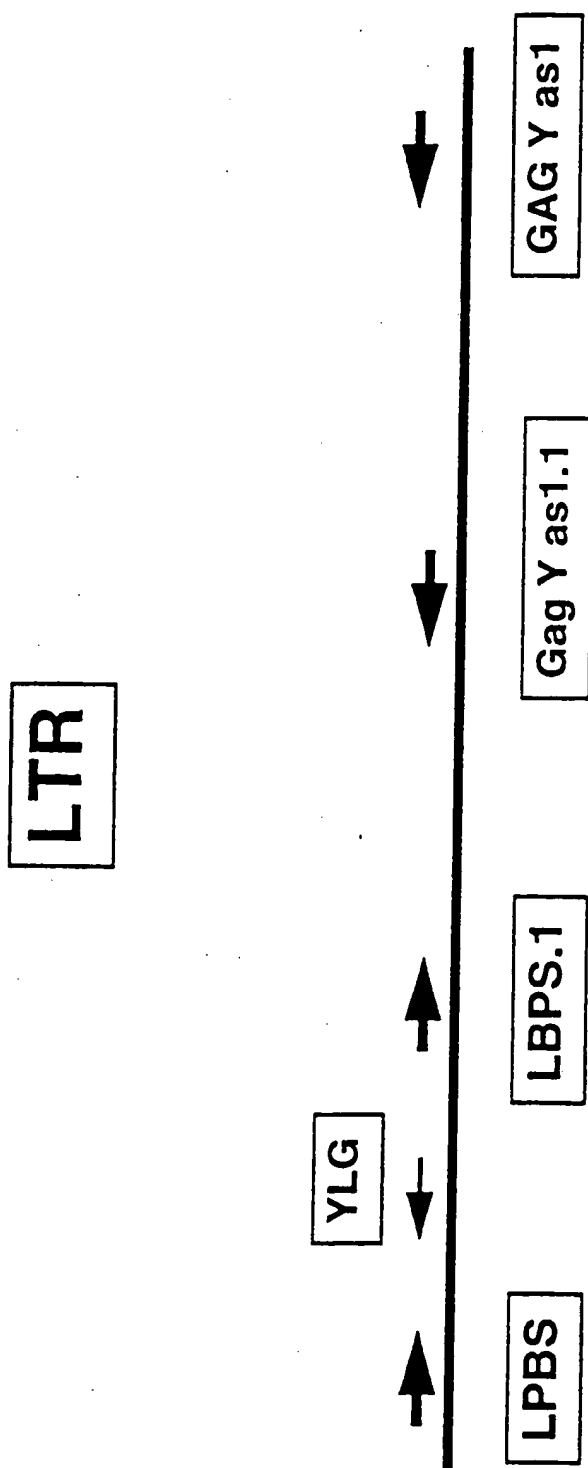


FIGURE 2

3/20

FIGURE 3

GAG

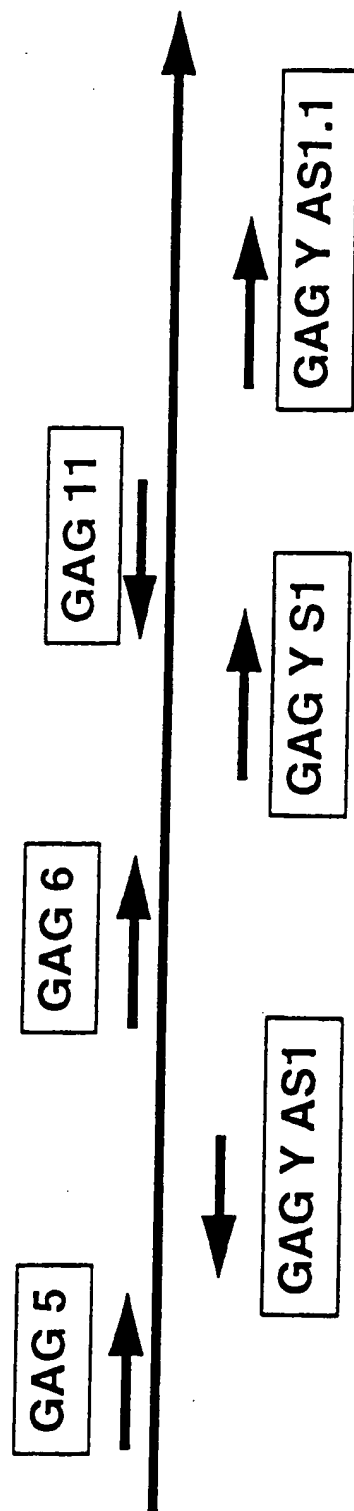


FIGURE 4

POL

5/20

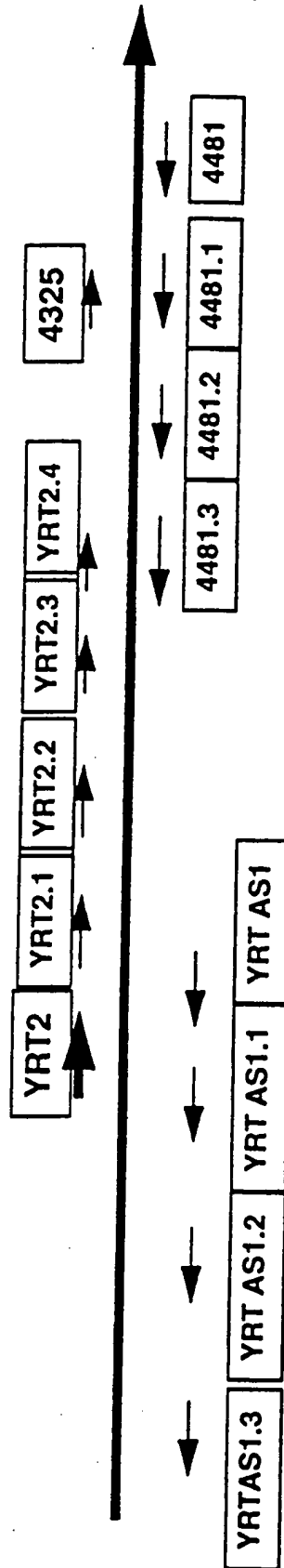


FIGURE 5

ENV

V3

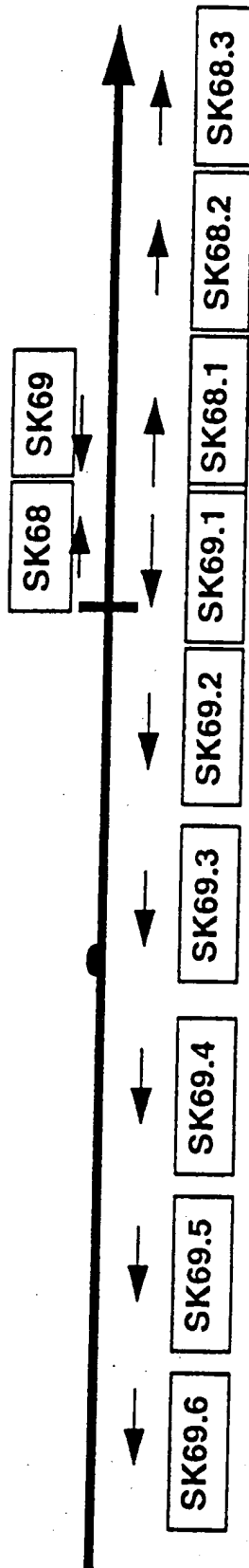


FIGURE 6

7/20

LTR

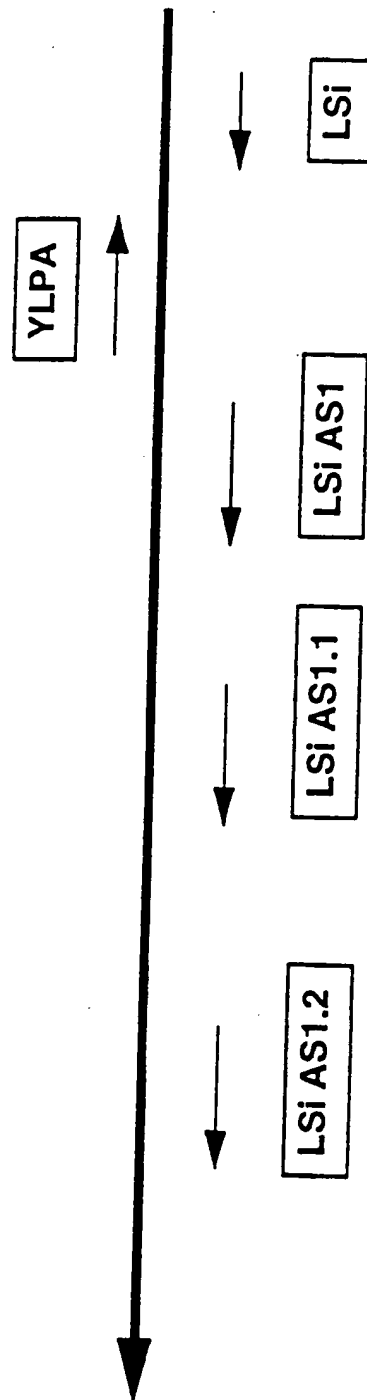


FIGURE 7

8/20

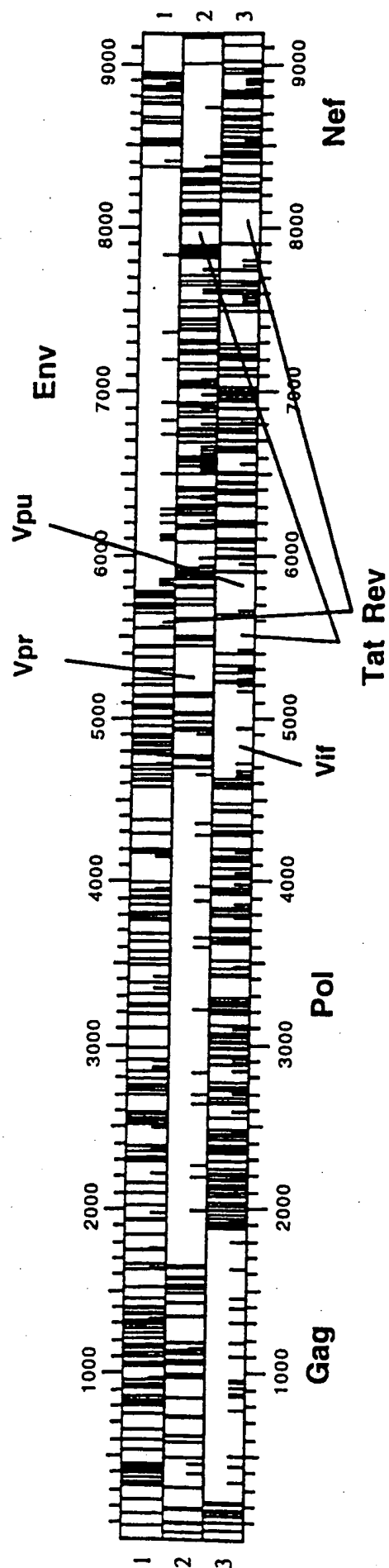


FIGURE 8

9/20

YBF30 LTR

464 nt après "bootstrapping"

PHYLIP n-j arbre avec valeurs "bootstrap" (100 "bootstraps")

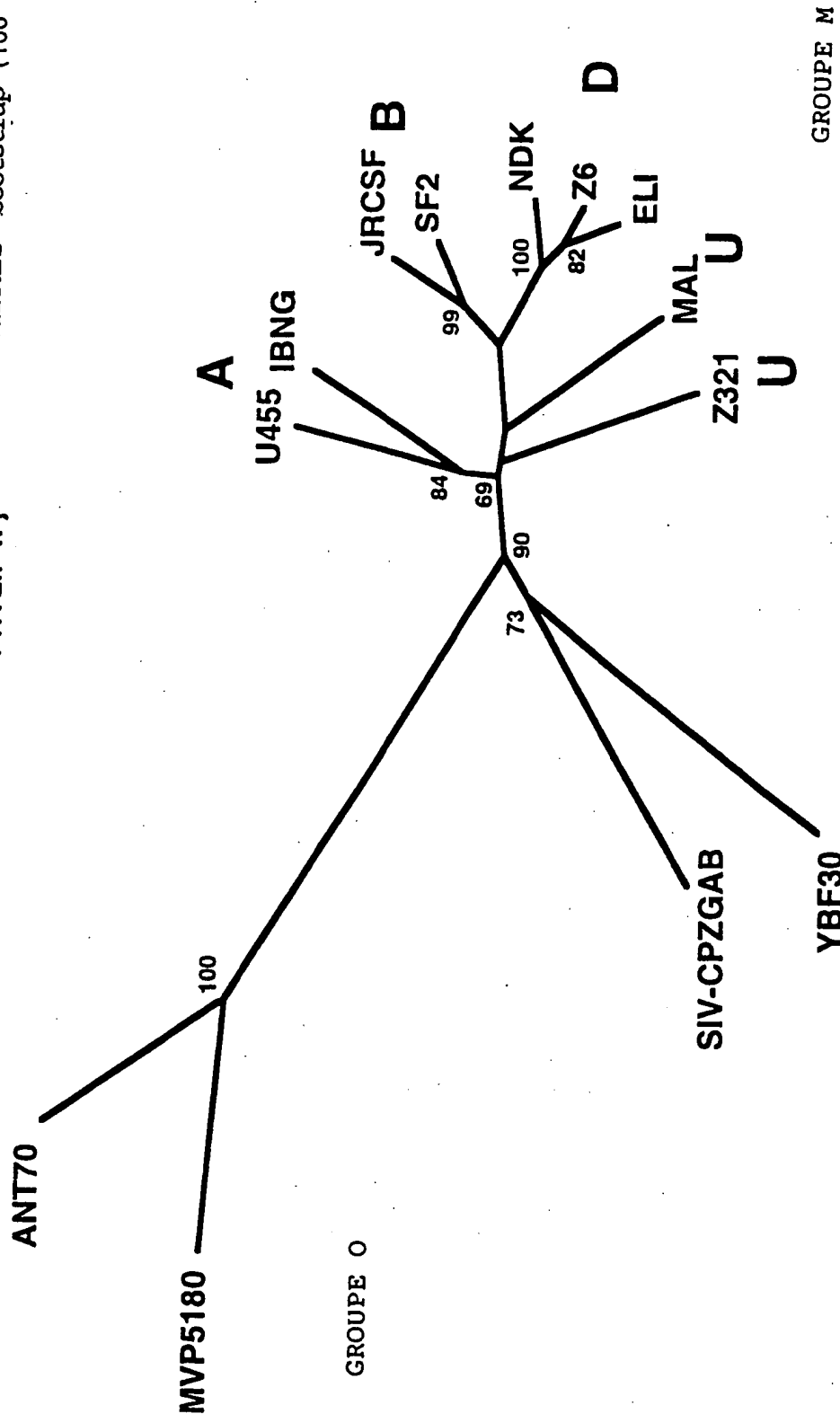
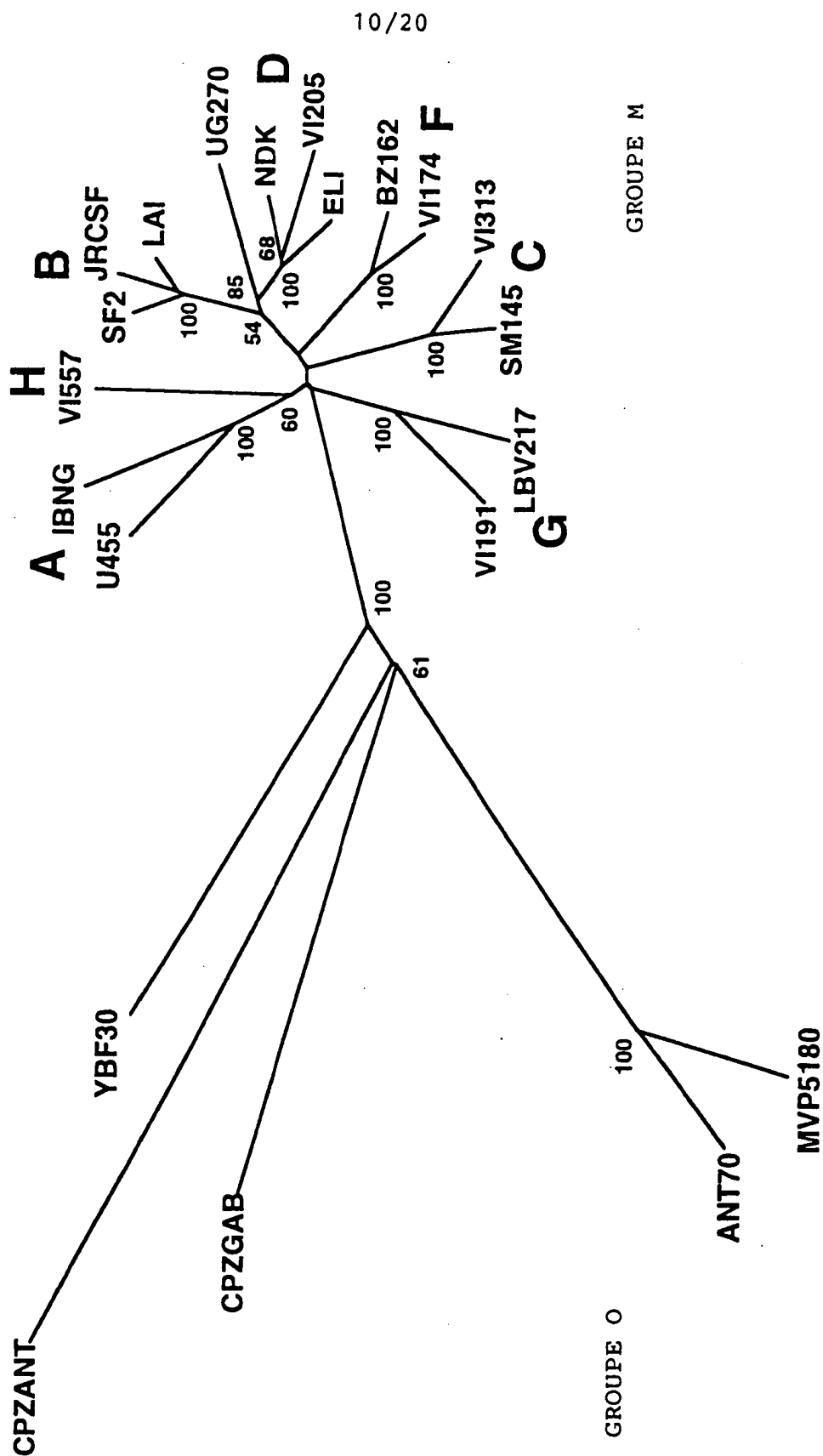


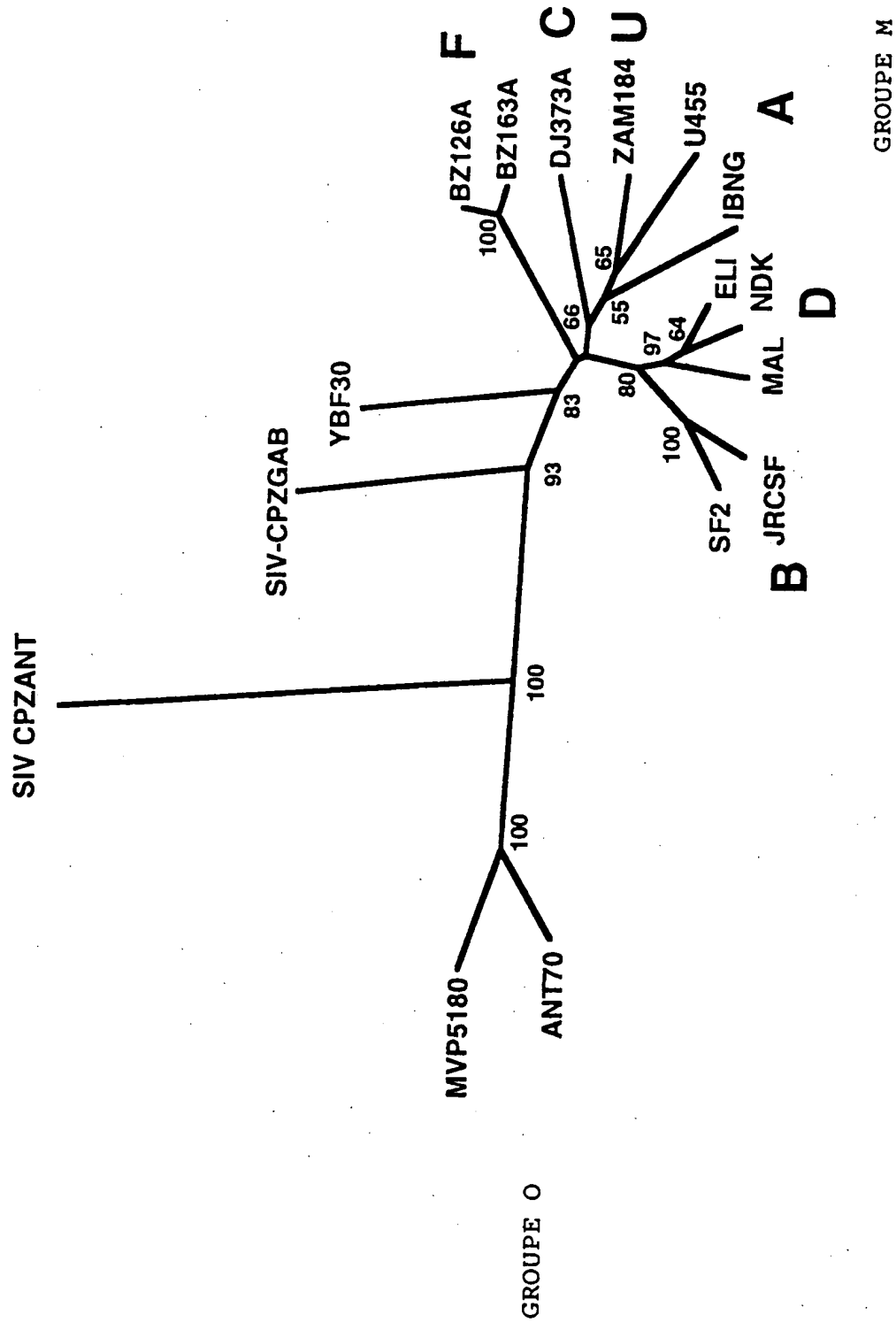
FIGURE 9



YBF30 Gag
1386 nt après "gapstripping" (après réarrangement de l'alignement des séquences)
Phylip n-j arbre avec valeurs "bootstrap" (100 "bootstraps")

FIGURE 10

11/20



YBF30 Tat
 292 nt après "gapstripping"
 PHYLIP n-j arbre avec valeurs "bootstrap" (100 "bootstraps")

FIGURE 11

12/20

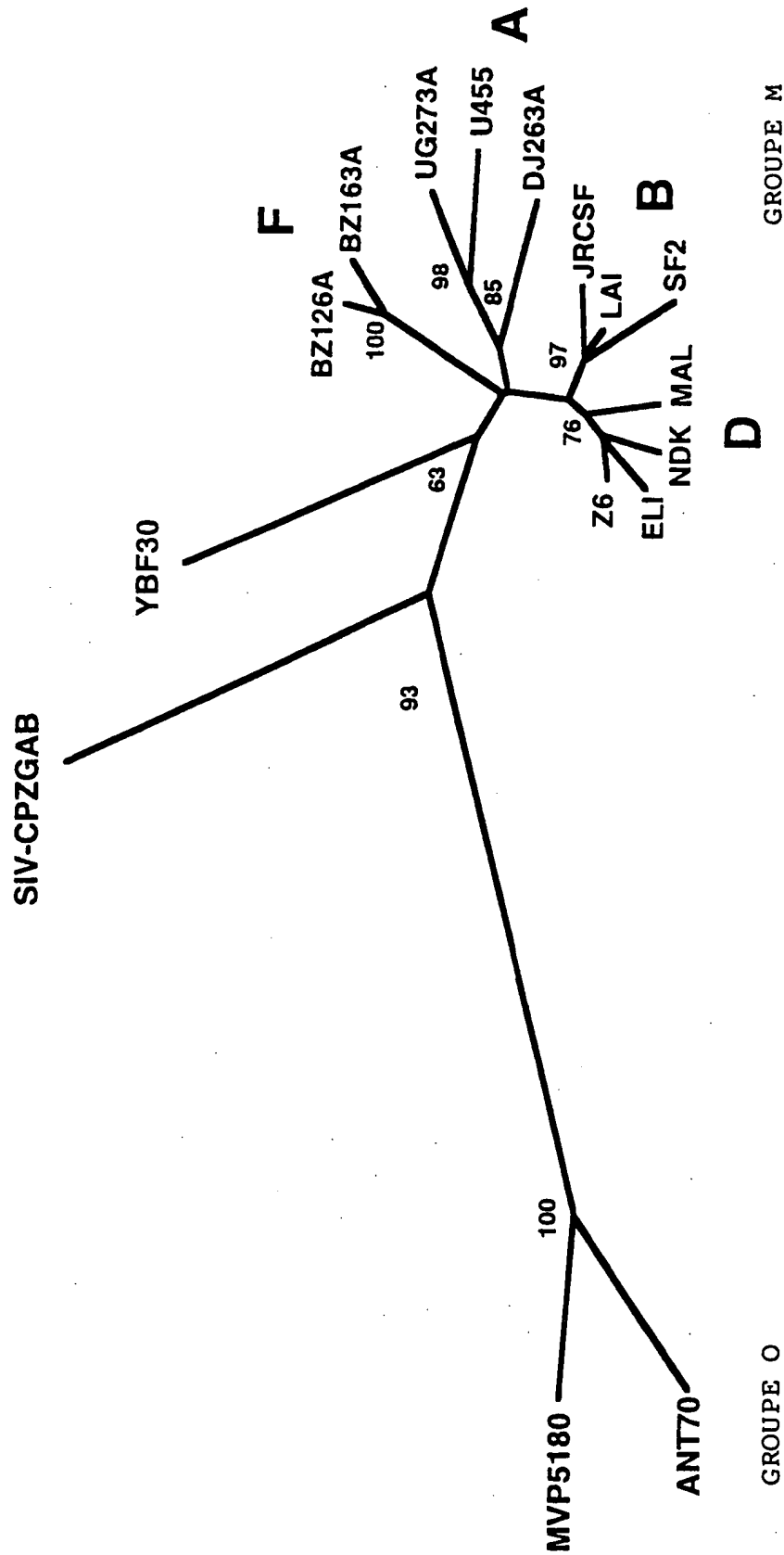


FIGURE 12

YBF30 Rev

296 nt après "gapstripping"

PHYLIP n-j arbre avec valeurs "bootstrap" (100 "bootstraps")

YBF30 Vif

561 nt après "gapstripping"
 PHYLIP n-j arbre avec valeurs "bootstrap" (100 "bootstraps")

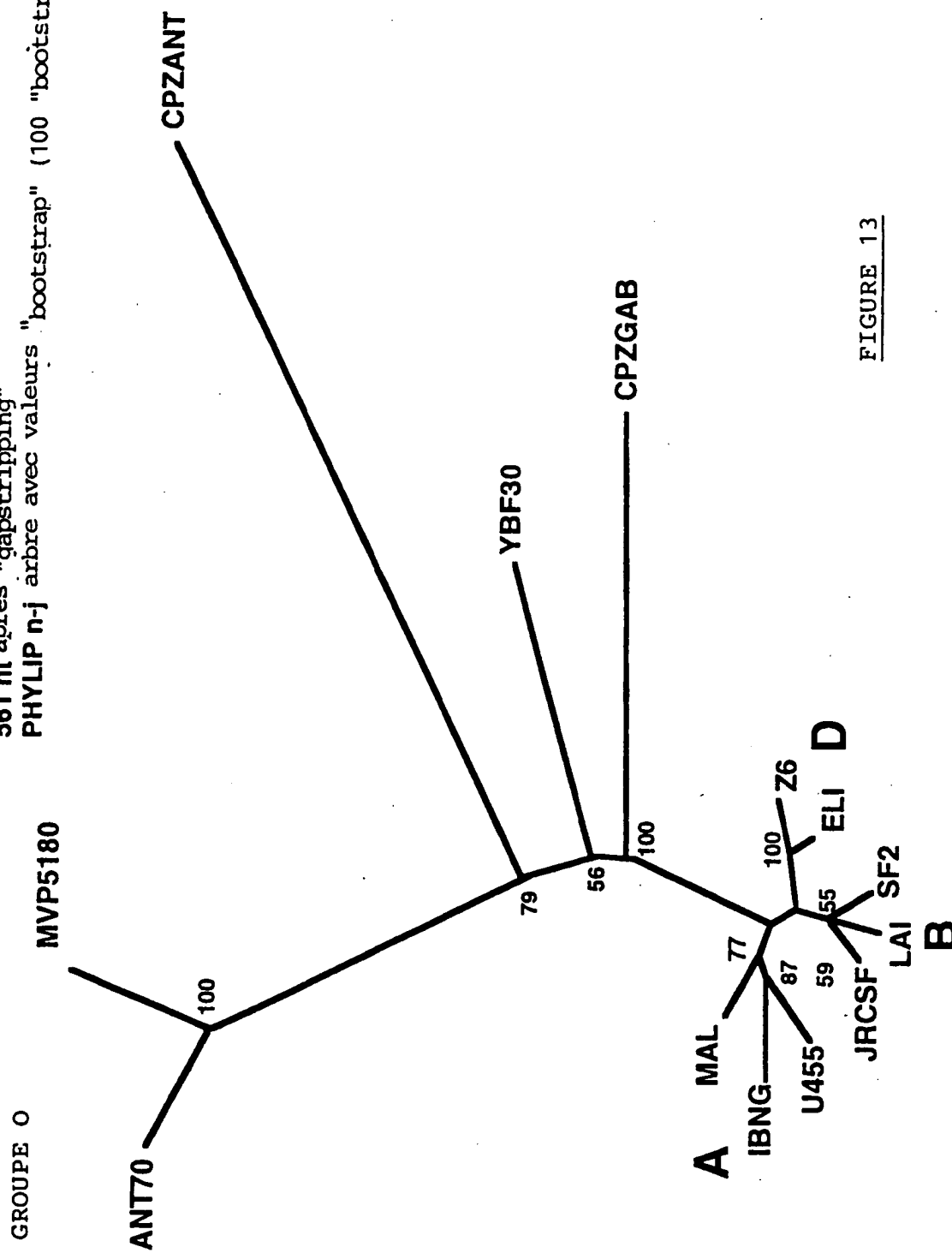
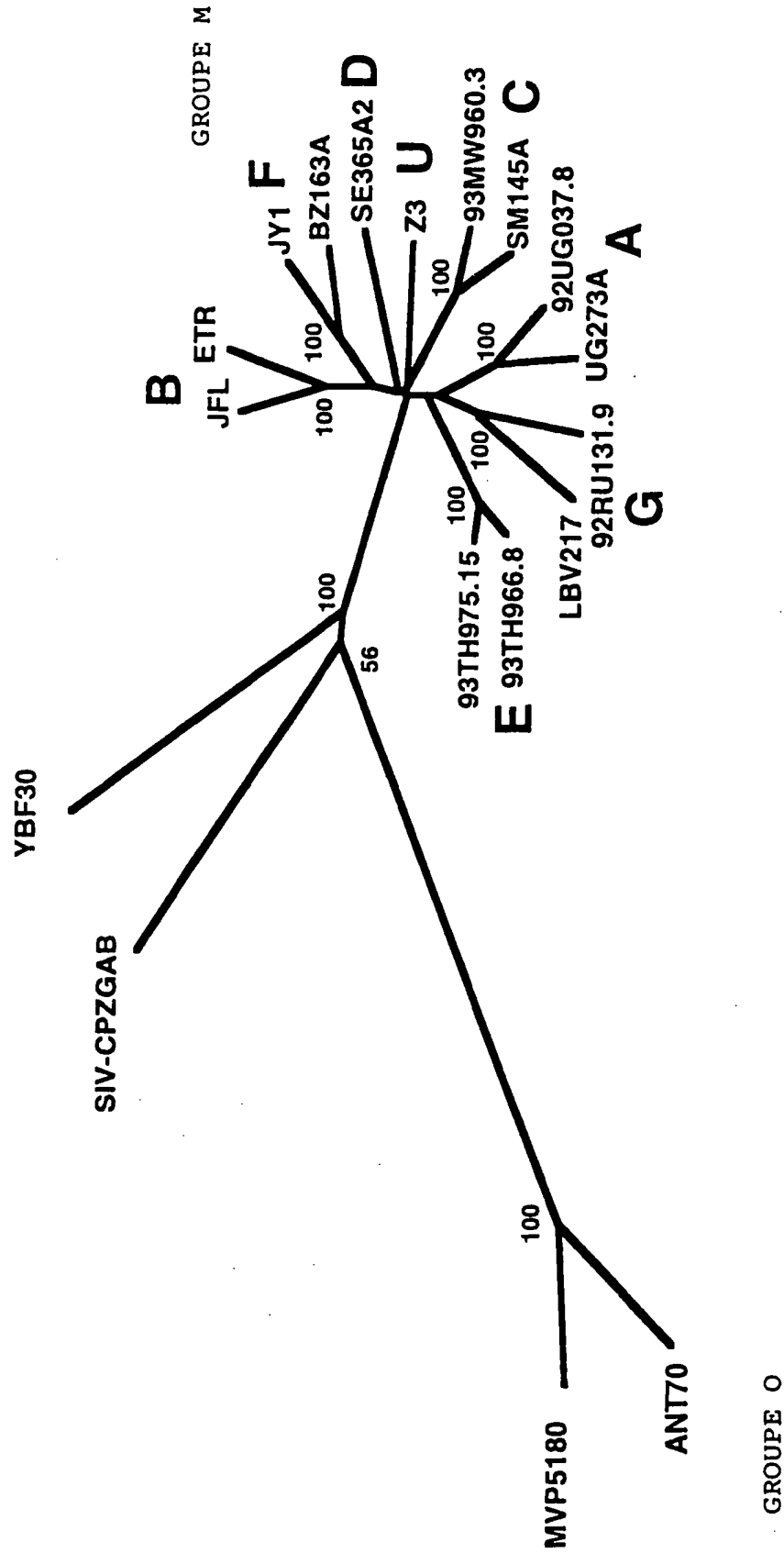


FIGURE 13

YBF30 gp120
1317 nt; après "gapstripping"
PHYMLIP n-j arbre avec valeurs "bootstrap" (100 réplicats)
distances Kimura, transition/transversion = 1.8

FIGURE 14

15/20



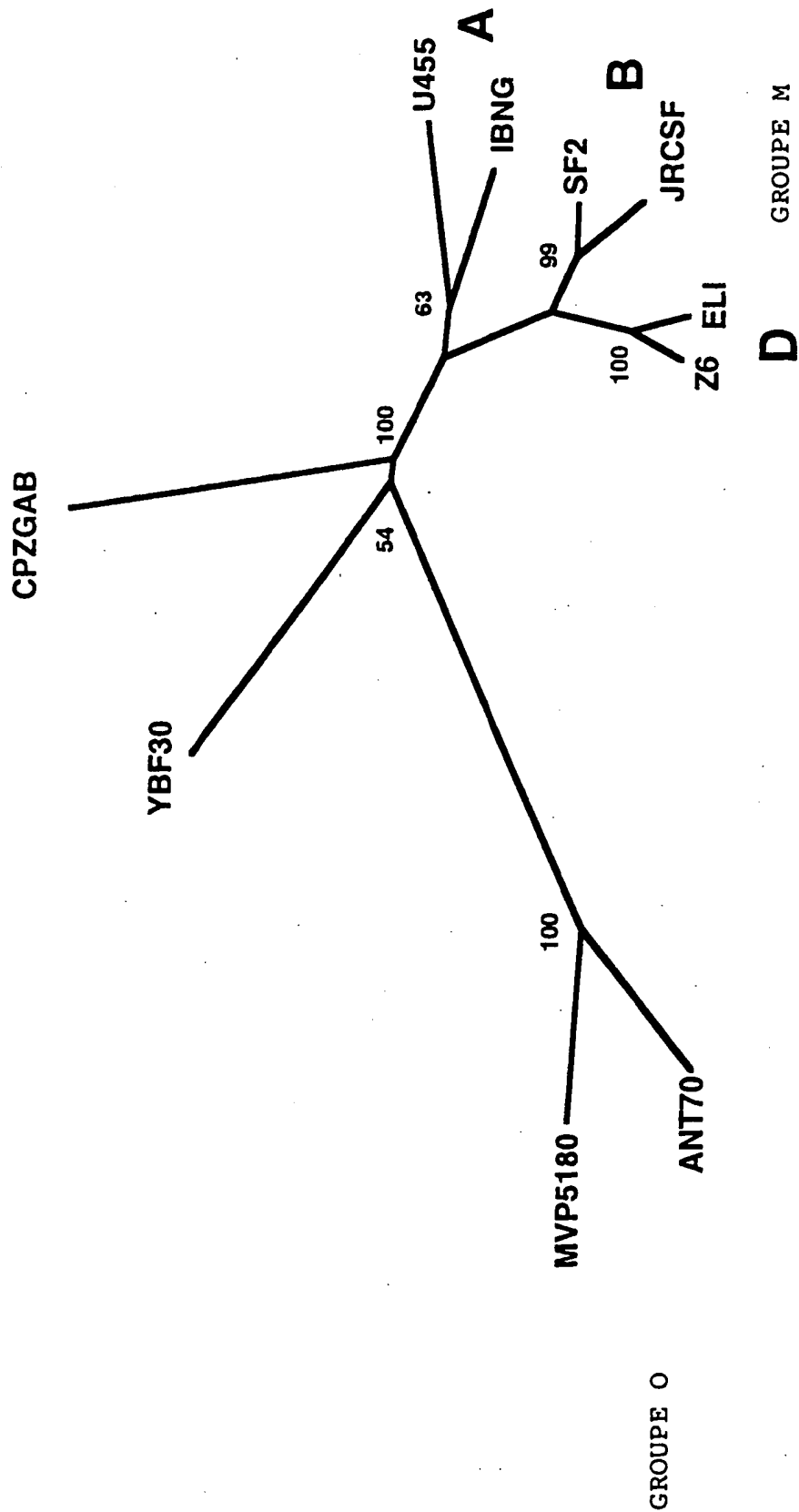
YBF30 gp41

988 nt après "gapstripping"

PHYLP n-j arbre avec valeurs "bootstrap" (100 "bootstraps")

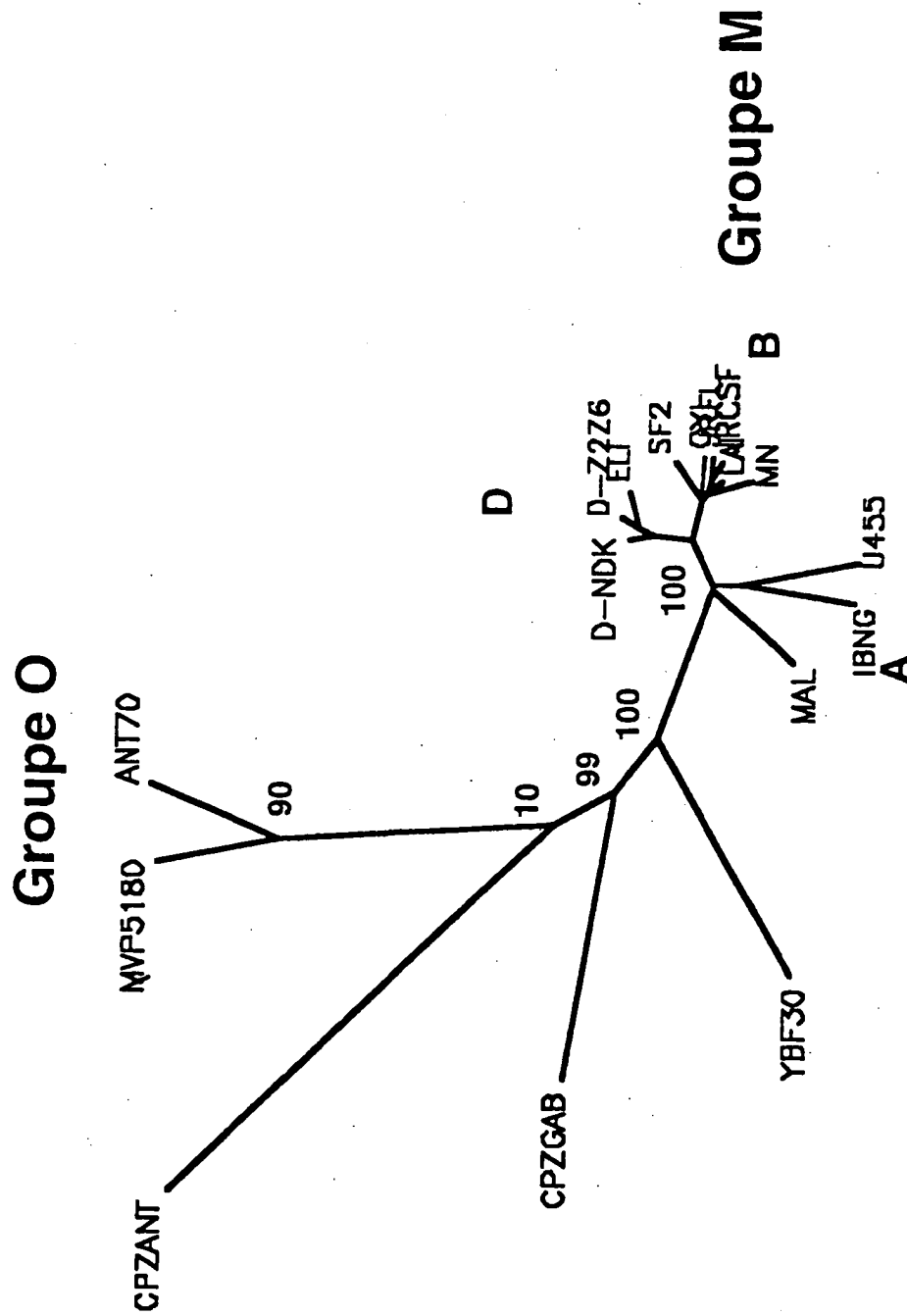
FIGURE 15

16/20



17/20

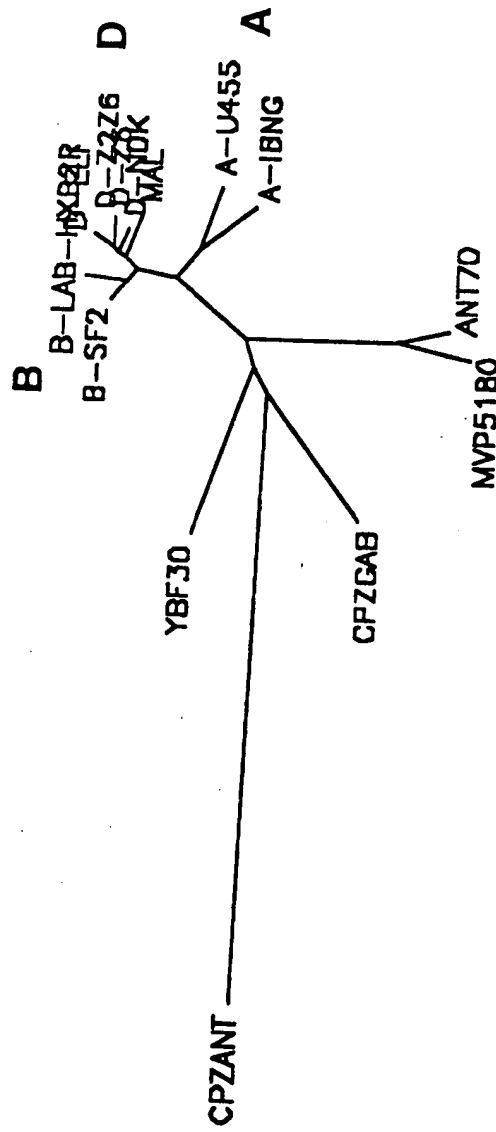
YBF30 POL
Philip Fitch; 1867 nt après "gapstripping"
100 "bootstraps"

FIGURE 17

YBF30 VPR

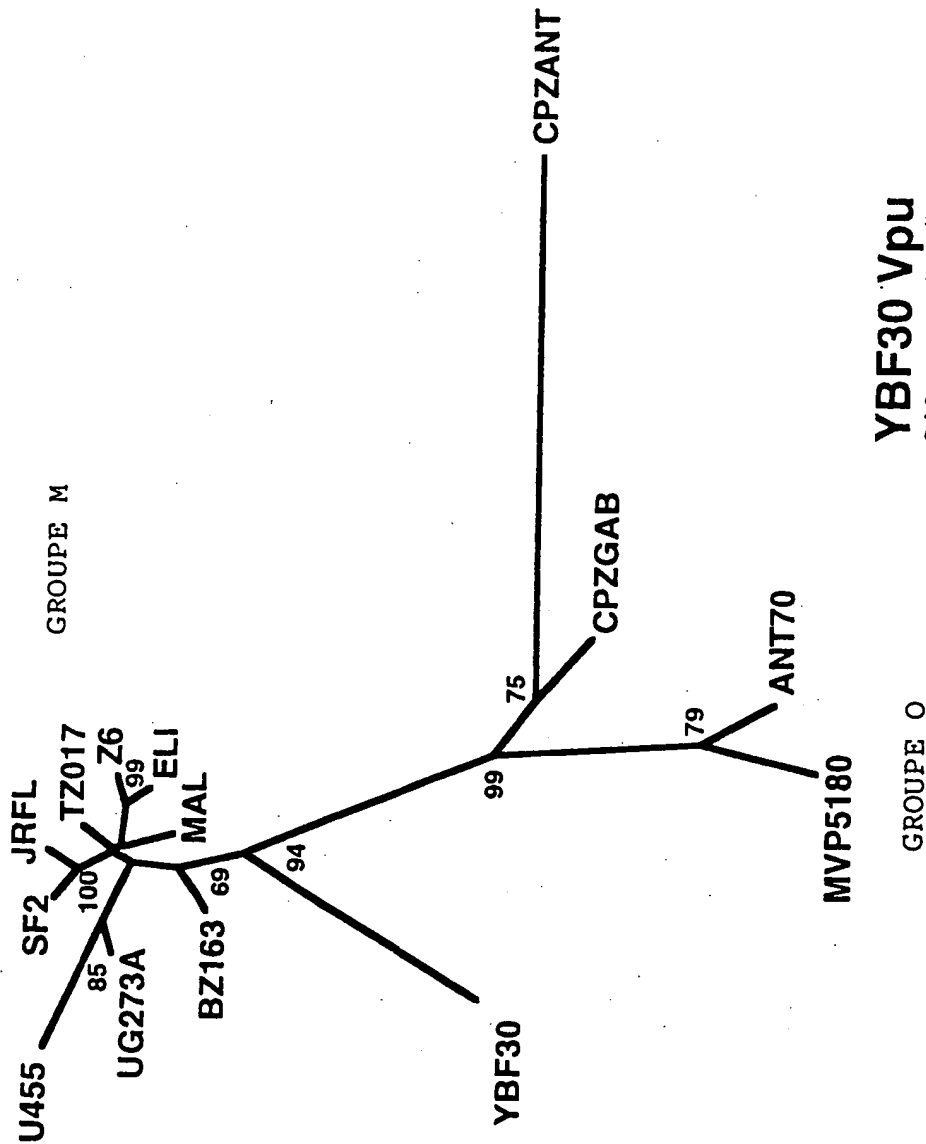
Phylip nj, 315 nt après "gapstripping"

Groupe M



Groupe O

FIGURE 18



YBF30 Vpu

210 nt après "gapstripping"

PHYLIP n-j arbre avec valeurs "bootstrap" (100 réplacats)

FIGURE 19

Pourcentage de distance génétique entre YBF30 et HIV-1/SIVCPZ

	Gag	Pol	Vif	Vpr	Vpu	Tat	Rev	Env gp120	Nef
HIV-1 M	30-33	22-24	27,5-30	27-30	66,6-80	22-27,6	33,8-42	50-53	34,6-39
HIV-1 O	37-38	33-34	42-45,6	32-36	>100	46-47,7	80-88	73-74	52,8-53
CPZGAB	32	26,8	40,3	28,8	>100	27,8	56,8	50	33,7
CPZANT	45	41,2	57,1	57,4	>100	55	ND*	74,5	ND*

*ND: non déterminé

FIGURE 20

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Intern. Appl. No.

PCT/FR 97/02227

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

IPC 6 C12N15/49 C12N7/00 C12Q1/68 A61K39/21 C07K16/10
C07K14/16 G01N33/50

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

IPC 6 C12N C07K

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	HUET, Z. ET AL.: "A highly defective HIV-1 strain isolated from a healthy Gabonese individual presenting an atypical Western blot" AIDS, vol. 3, no. 11, November 1989, pages 707-715, XP002041193 see figure 3 ---	3
X	WO 86 02383 A (PASTEUR INSTITUT ; CENTRE NAT RECH SCIENT (FR)) 24 April 1986 see figure 4 --- -/--	3

☒ Further documents are listed in the continuation of box C.☒ Patent family members are listed in annex.

* Special categories of cited documents :

A document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance

E earlier document but published on or after the international filing date

L document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)

O document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means

P document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

T later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention

X document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone

Y document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.

& document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

14 April 1998

Date of mailing of the international search report

21/04/1998

Name and mailing address of the ISA

European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

Chambonnet, F

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	HUET T ET AL: "GENETIC ORGANIZATION OF A CHIMPANZEE LENTIVIRUS RELATED TO HIV-1" NATURE, vol. 345, no. 6273, 24 May 1990, pages 356-359, XP000172750 see the whole document ----	3
X	TOJO, N. ET AL.: "Cloning and nucleotide sequence of the Myxococcus xanthus lon gene: indispensability of lon for vegetative growth" JOURNAL OF BACTERIOLOGY, vol. 175, no. 8, April 1993, pages 2271-2277, XP002041194 see figure 3 ----	3
X	INAGAKI, N. ET AL.: "Cloning and functional characterization of a third pituitary adenylate cyclase-activating polypeptide receptor subtype expressed in insulin-secreting cells" PROCEEDINGS OF THE NATIONAL ACADEMY OF SCIENCES OF USA., vol. 91, March 1994, WASHINGTON US, pages 2679-2683, XP002041195 see the whole document -----	3

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

International Application No

PCT/FR 97/02227

Patent document cited in search report	Publication date	Patent family member(s)	Publication date
WO 8602383 A	24-04-86	FR 2571968 A	25-04-86
		AU 603543 B	22-11-90
		AU 5061785 A	02-05-86
		DE 3587181 A	15-04-93
		DE 3587512 A	09-09-93
		DE 3587512 T	02-12-93
		DK 35593 A	26-03-93
		DK 284986 A	14-08-86
		EP 0201540 A	20-11-86
		EP 0387914 A	19-09-90
		EP 0387915 A	19-09-90
		EP 0462627 A	27-12-91
		IE 64006 B	28-06-95
		JP 9132594 A	20-05-97
		JP 9118689 A	06-05-97
		JP 9178751 A	11-07-97
		JP 7309779 A	28-11-95
		JP 2609448 B	14-05-97
		JP 62500592 T	12-03-87
		NZ 230372 A	25-02-94
		US 5705612 A	06-01-98
		US 5610035 A	11-03-97
		AU 600227 B	09-08-90
		AU 5320086 A	13-08-86
		DK 168667 B	16-05-94
		WO 8604336 A	31-07-86
		EP 0211022 A	25-02-87
		JP 62502095 T	20-08-87
		KR 9508570 B	03-08-95
		OA 8413 A	30-06-88

RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

Dem. Internationale No
PCT/FR 97/02227

A. CLASSEMENT DE L'OBJET DE LA DEMANDE

CIB 6 C12N15/49 C12N7/00 C12Q1/68 A61K39/21 C07K16/10
C07K14/16 G01N33/50

Selon la classification internationale des brevets (CIB) ou à la fois selon la classification nationale et la CIB

B. DOMAINES SUR LESQUELS LA RECHERCHE A PORTE

Documentation minimale consultée (système de classification suivi des symboles de classement)

CIB 6 C12N C07K

Documentation consultée autre que la documentation minimale dans la mesure où ces documents relèvent des domaines sur lesquels a porté la recherche

Base de données électronique consultée au cours de la recherche internationale (nom de la base de données, et si cela est réalisable, termes de recherche utilisés)

C. DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS

Catégorie *	Identification des documents cités, avec, le cas échéant, l'indication des passages pertinents	no. des revendications visées
X	HUET, Z. ET AL.: "A highly defective HIV-1 strain isolated from a healthy Gabonese individual presenting an atypical Western blot" AIDS, vol. 3, no. 11, novembre 1989, pages 707-715, XP002041193 voir figure 3	3
X	WO 86 02383 A (PASTEUR INSTITUT ; CENTRE NAT RECH SCIENT (FR)) 24 avril 1986 voir figure 4	3

-/--



Voir la suite du cadre C pour la fin de la liste des documents



Les documents de familles de brevets sont indiqués en annexe

* Catégories spéciales de documents cités:

- "A" document définissant l'état général de la technique, non considéré comme particulièrement pertinent
- "E" document antérieur, mais publié à la date de dépôt international ou après cette date
- "L" document pouvant jeter un doute sur une revendication de priorité ou cité pour déterminer la date de publication d'une autre citation ou pour une raison spéciale (telle qu'indiquée)
- "O" document se référant à une divulgation orale, à un usage, à une exposition ou tous autres moyens
- "P" document publié avant la date de dépôt international, mais postérieurement à la date de priorité revendiquée

"T" document ultérieur publié après la date de dépôt international ou la date de priorité et n'appartenant pas à l'état de la technique pertinent, mais cité pour comprendre le principe ou la théorie constituant la base de l'invention

"X" document particulièrement pertinent; l'invention revendiquée ne peut être considérée comme nouvelle ou comme impliquant une activité inventive par rapport au document considéré isolément

"Y" document particulièrement pertinent; l'invention revendiquée ne peut être considérée comme impliquant une activité inventive lorsque le document est associé à un ou plusieurs autres documents de même nature, cette combinaison étant évidente pour une personne du métier

"&" document qui fait partie de la même famille de brevets

Date à laquelle la recherche internationale a été effectivement achevée

14 avril 1998

Date d'expédition du présent rapport de recherche internationale

21/04/1998

Nom et adresse postale de l'administration chargée de la recherche internationale

Office Européen des Brevets, P.B. 5818 Patentlaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl.
Fax: (+31-70) 340-3016

Fonctionnaire autorisé

Chambonnet, F

C.(suite) DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS

Catégorie	Identification des documents cités, avec, le cas échéant, l'indication des passages pertinents	no. des revendications visées
X	<p>HUET T ET AL: "GENETIC ORGANIZATION OF A CHIMPANZEE LENTIVIRUS RELATED TO HIV-1" NATURE, vol. 345, no. 6273, 24 mai 1990, pages 356-359, XP000172750 voir le document en entier</p> <p>----</p>	3
X	<p>TOJO, N. ET AL.: "Cloning and nucleotide sequence of the Myxococcus xanthus lon gene: indispensability of lon for vegetative growth" JOURNAL OF BACTERIOLOGY, vol. 175, no. 8, avril 1993, pages 2271-2277, XP002041194 voir figure 3</p> <p>----</p>	3
X	<p>INAGAKI, N. ET AL.: "Cloning and functional characterization of a third pituitary adenylate cyclase-activating polypeptide receptor subtype expressed in insulin-secreting cells" PROCEEDINGS OF THE NATIONAL ACADEMY OF SCIENCES OF USA., vol. 91, mars 1994, WASHINGTON US, pages 2679-2683, XP002041195 voir le document en entier</p> <p>-----</p>	3

RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

Renseignements relatifs aux membres de familles de brevets

Demande Internationale No

PCT/FR 97/02227

Document brevet cité au rapport de recherche	Date de publication	Membre(s) de la famille de brevet(s)	Date de publication
WO 8602383 A	24-04-86	FR 2571968 A	25-04-86
		AU 603543 B	22-11-90
		AU 5061785 A	02-05-86
		DE 3587181 A	15-04-93
		DE 3587512 A	09-09-93
		DE 3587512 T	02-12-93
		DK 35593 A	26-03-93
		DK 284986 A	14-08-86
		EP 0201540 A	20-11-86
		EP 0387914 A	19-09-90
		EP 0387915 A	19-09-90
		EP 0462627 A	27-12-91
		IE 64006 B	28-06-95
		JP 9132594 A	20-05-97
		JP 9118689 A	06-05-97
		JP 9178751 A	11-07-97
		JP 7309779 A	28-11-95
		JP 2609448 B	14-05-97
		JP 62500592 T	12-03-87
		NZ 230372 A	25-02-94
		US 5705612 A	06-01-98
		US 5610035 A	11-03-97
		AU 600227 B	09-08-90
		AU 5320086 A	13-08-86
		DK 168667 B	16-05-94
		WO 8604336 A	31-07-86
		EP 0211022 A	25-02-87
		JP 62502095 T	20-08-87
		KR 9508570 B	03-08-95
		OA 8413 A	30-06-88